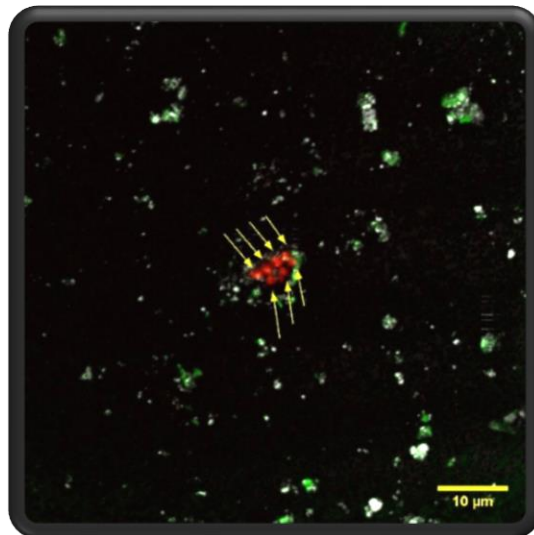


Geomicrobiología de revestimiento de rocas en un ambiente ácido extremo: Río Tinto

JOSÉ JORDÁN SORIA



Directores de la tesis:

Felipe Gómez Gómez

Ricardo Amils Pibernat

Programa de doctorado en
Microbiología

Madrid, 2019



CENTRO DE ASTROBIOLOGÍA



EXCELENCIA
MARÍA
DE MAEZTU

UAM

UNIVERSIDAD AUTÓNOMA
DE MADRID

AGRADECIMIENTOS

No quiero extenderme demasiado, así que me gustaría agradecer, sin ningún orden en particular, primero a todos los compañer@s del Centro de Astrobiología: Juanjo (y Vero), Maca, Cris, Sara, Pilar, Joana, Gema, Esther-Acosta, Santos, Álex, Bruno, Diego, Juanma, Bea, Carol, Edu, Cris (CBM), Jose Miguel (CBM) y un largo etc. (¡que no se den por aludidos si algun@ no aparece!) y por supuesto a Laura, Bea y Armando en el laboratorio de Extremofilia, de los que he aprendido mucho. Gracias a todos por su cariño en más de cuatro años y lo que he aprendido de sus investigaciones y sus cosas, que no son pocas.

Por supuesto, recordar a los estudiantes que han pasado por el laboratorio durante mi etapa: Rafa, Robert, Adri, Silvia, Maria Antonia, Maria Vittoria y Víctor Rinaldo (que espero que continúe con éxito esta línea de investigación de los barnices de roca) y a tod@s investigadores presentes en el Centro de Astrobiología, de los cuales he aprendido muchísimo, en especial en las comidas diarias en el INTA y que han saciado mi curiosidad sobre las diferentes disciplinas que engloba el campo de la Astrobiología; ha sido muy instructivo para mí.

Por supuesto, agradecer a Felipe y Ricardo este tema de tesis y su apoyo y consejos en la realización del trabajo junto con Nuria, con su ayuda en el SEM, con las cosas del laboratorio, consejos y paciencia que han tenido conmigo. También agradecer a Christine Moiss-Eichinger y a su grupo de trabajo por los tres acogedores meses que pasé en Austria, en la Universidad Médica de Graz.

También a mis amistades de Valencia: Silvia, Màrius, Raquel... por su apoyo desde la distancia y al pueblo de Burjassot. Pocos sitios te ofrecen una universidad, centros de investigación y un gran centro cultural al lado de tu casa y debería ser potenciado por las administraciones públicas un mayor acercamiento de la ciencia a la sociedad.

Y por último, pero no menos importante, dar las gracias a mi hermana Esther y a mi yayo José y mi yaya Carmen que me han criado, y que gracias a ellos sólo he tenido que enfocarme en hacer las cosas que me gustan.

He hecho todo lo que he podido bajo mi punto de vista, y éste es el resultado del trabajo realizado en 5 años, primero financiado durante 2 años por la FPI de la universidad Autónoma de Madrid y después los otros 2 años por la FPU del ministerio de Ciencia, Innovación y Universidades. Espero que a lector/a le guste.

TABLA DE CONTENIDOS

Índice de figuras.....	1
Índice de tablas	5
Lista de ecuaciones	7
Lista de acrónimos.....	9
1 RESUMEN	11
2 INTRODUCCIÓN	13
2.1 Revestimientos en roca	13
2.1.1 Antecedentes y tipos de revestimiento	13
2.2 Revestimientos enriquecidos en hierro	15
2.3 Barnices de roca. Generalidades.....	16
2.3.1 Química y mineralogía	21
2.3.1.1 Manganeso	21
2.3.1.2 Hierro	23
2.3.2 Características micro- y macromorfológicas de los barnices	26
2.3.3 Clasificación de los barnices	26
2.3.3.1 Tipo I	27
2.3.3.2 Tipo II	28
2.3.3.3 Tipo III	28
2.3.3.4 Tipo IV	28
2.3.3.5 Tipo V	29
2.4 Río Tinto.....	30
2.4.1 Sistema acuático	30
2.4.2 Sedimentos.....	32
2.4.3 Subsuelo.....	33
3 OBJETIVOS.....	35
4 MATERIAL Y MÉTODOS	37
4.1 Áreas de muestreo	37
4.1.1 Zona Origen.....	37
4.1.2 Zona Berrocal	38
4.2 Caracterización mineralógica y de elementos químicos	40

4.2.1	Difracción de rayos X (XRD).....	40
4.2.2	Espectrometría de masas por plasma acoplado inductivamente (ICP-MS).....	40
4.3	Microscopía electrónica de barrido (SEM).....	42
4.4	Análisis geoquímico: ¹³C y ¹⁵N.....	42
4.5	Caracterización biológica.....	42
4.5.1	Extracción de ADN. Métodos de extracción y optimización.....	43
4.5.2	Análisis del ADN.....	43
4.5.3	Amplificación cuantitativa del ADN (qPCR)	43
4.5.4	Amplificación del ADN (PCR)	44
4.5.5	Clonaje, secuenciación Sanger y tratamiento bioinformático	47
4.5.6	Secuenciación Illumina y tratamiento bioinformático	49
4.5.6.1	Identificación y caracterización de secuencias no asignadas	49
4.5.7	Cálculos de los parámetros de interés ecológico.....	51
4.5.8	Cultivos de enriquecimiento.....	51
4.5.9	Hibridación <i>in situ</i> (CARD-FISH).....	51
5	RESULTADOS Y DISCUSIÓN	55
5.1	Análisis mineralógico y composición elemental de las muestras	55
5.1.1	Origen.....	56
5.1.2	Berrocal	58
5.2	Microscopía electrónica (SEM)	64
5.2.1	Unidad litoestratigráfica. Zona Origen	64
5.2.2	Zona Berrocal, muestra P1	66
5.2.2.1	Ca, Mn y materia orgánica	70
5.3	Similitudes y diferencias de las muestras rocosas. Comparación con otras muestras ambientales	73
5.4	Análisis isotópicos.....	79
5.5	Extracción de ADN.....	80
5.6	Caracterización de la biodiversidad	82
5.6.1	Secuenciación del ADN	83
5.6.1.1	Zona Origen. Hem, Mag y Ror	85
5.6.1.1.1	Muestra Hem	85
5.6.1.1.2	Muestra Mag	90
5.6.1.1.3	Muestra Ror	94
5.6.1.2	Zona Berrocal.....	96

5.6.1.2.1	Muestra Berr	96
5.6.1.2.2	Muestra P1	98
5.6.1.3	Cultivos de enriquecimiento	101
5.6.1.3.1	Cultivo $\text{Fe}^{+2} + \text{NH}_4\text{NO}_3$ (Berr)	101
5.6.1.3.2	Cultivo DG+S ⁰ (Hem y Mag).....	102
5.6.1.3.3	Cultivo DG (P1).....	105
5.6.2	Parámetros ecológicos microbianos. Comparación de las comunidades en las muestras ambientales	106
5.6.3	Inferencia metagenómica de metabolismos en las muestras ambientales secuenciadas por Illumina	109
5.6.3.1	Metabolismo del azufre	110
5.6.3.2	Metabolismo del nitrógeno	113
5.6.3.3	Transportadores de membrana y enzimas de interés	117
5.6.4	Diversidad microbiana identificada por CARD-FISH.....	120
6	DISCUSIÓN FINAL.....	129
7	CONCLUSIONES	143
	REFERENCIAS.....	145
	APÉNDICE.....	165
A)	Ubicación de las principales referencias bibliográficas de estudios microbianos en revestimiento de roca ricos en hierro	165
B)	Protocolo de ligación y transformación de células químicamente competentes de <i>Escherichia coli</i> One Shot TOP10 de Invitrogen utilizado en el laboratorio.....	166
C)	Análisis geoquímicos Hem, Mag y P1	167
D)	PCR específica de Cyanobacteria.....	168
E)	Estándares utilizados para la qPCR	169
F)	Curvas de rarefacción	169
G)	Secuenciación Illumina	172
H)	Árboles filogenéticos.....	173
I)	Datos de los diferentes umbrales de identidad analizados para realizar la inferencia metagenómica	179
J)	Información relativa a las inferencias filogenéticas realizadas	180
K)	Códigos KEGG y descripción (disponible una mayor información en la página web https://www.genome.jp/kegg/).	185
L)	Imágenes CARD-FISH	190
M)	XRD e ICP-MS. Datos originales obtenidos	204

Índice de figuras

Figura 1: Modelos conceptuales propuestos para la formación de los barnices de roca.....	19
Figura 2: Cartografía geográfica de la cuenca de río Tinto	31
Figura 3: Modelo geomicrobiológico del ciclo del Fe, S y C en la columna de agua de río Tinto	32
Figura 4: Modelo geomicrobiológico de los sedimentos de Río Tinto.....	33
Figura 5: Modelo propuesto del ciclo geomicrobiológico del subsuelo de la IPB	34
Figura 6: Muestreo en la zona del Origen	37
Figura 7: Ubicación aproximada de la zona de muestreo en Berrocal.....	38
Figura 8: Representación de la ubicación de las muestras recogidas en la zona de Berrocal en el margen y en la cuenca del cauce del río.....	39
Figura 9: Muestra P1 recogida en Berrocal.....	39
Figura 10: Diagrama del flujo de trabajo realizado.....	50
Figura 11: Esquema de una hibridación in situ.....	53
Figura 12: Composición elemental en la unidad litoestratigráfica del Origen.....	57
Figura 13: Composición elemental de la muestra Ror.....	58
Figura 14: Abundancia de los principales elementos en los sedimentos de Berrocal.....	59
Figura 15: Composición elemental de elementos menores presentes en los sedimentos de Berrocal.....	60
Figura 16: Composición elemental de las partículas de roca recolectadas alrededor de P1 (muestra N-Berrocal).....	62
Figura 17: Composición elemental en el revestimiento de roca en Berrocal (P1)	64
Figura 18: Observación por microscopía electrónica de barrido y análisis EDX de la muestras Hem y Mag.....	65
Figura 19: Imagen panorámica y de detalle de estructuras lisas y planas incrustadas en la estructura botroidal en la muestra P1	67
Figura 20: Observación de distintas morfologías en la muestra P1.....	68
Figura 21: Detalle de una partícula orgánica en P1 y análisis.....	69
Figura 22: Detección de Ca en P1.....	70
Figura 23: Detección de manganeso en dos zonas distintas de la muestra P1.....	71
Figura 24: Mapeado elemental exhaustivo en el área indicada en la figura 23-A₂ y abundancia relativa encontrada.....	72
Figura 25: PCA de las muestras rocosas de Río Tinto caracterizadas por ICP-MS.....	73
Figura 26: Cociente de los valores de los elementos respecto del valor medio encontrado en la corteza continental superior, la UCC.....	75

Figura 27: Correlación de elementos principales por PCA de nuestras muestras de revestimientos de roca de Río Tinto con respecto a diferentes barnices de roca descritos en la literatura	75
Figura 28: Representación de los cocientes Al/Ni vs. Mn/Ba y Mn/REY vs. Mn/Ba de las muestras rocosas.....	77
Figura 29: Valores de $\delta^{15}\text{N}$ y $\delta^{13}\text{C}$ de las muestras Hem, Mag y P1	80
Figura 30: Abundancia total de N y C en las muestras Hem, Mag y P1.....	80
Figura 31: qPCR que muestra la amplificación de las muestras ambientales versus el número de ciclos realizados	84
Figura 32: qPCR que muestra la amplificación de los cultivos de enriquecimiento versus el número de ciclos realizado	85
Figura 33: Grupos de secuencias identificadas por Sanger en Hem	86
Figura 34: Abundancias relativas de diferentes phyla y clases en la muestra Hem obtenido mediante la secuenciación por Illumina.....	88
Figura 35: Análisis bayesiano de las secuencias desconocidas identificadas por Illumina en Hem	89
Figura 36: Grupos de secuencias identificadas por Sanger en la muestra Mag.....	91
Figura 37: Abundancias relativas de diferentes Phyla y clases en la muestra Mag obtenidas mediante la secuenciación por Illumina.....	92
Figura 38: Árbol filogenético por máxima verosimilitud de todas las secuencias identificadas como Chloroflexi en Hem y Mag.....	94
Figura 39: Grupos de secuencias identificadas por Sanger en la muestra Ror	95
Figura 40: Grupos de secuencias Sanger identificadas en los sedimentos de Berrocal (Berr).....	97
Figura 41: Abundancia relativa en la muestra P1 por Illumina.....	100
Figura 42: Árbol de análisis bayesiano realizado para la agrupación de las secuencias no identificadas en la muestra P1	100
Figura 43: Abundancia relativa de grupos microbianos en el cultivo de enriquecimiento de la muestra Berr en el medio $\text{Fe}+\text{NH}_4\text{NO}_3$ mediante secuenciación Illumina	102
Figura 44: Abundancias relativas de diferentes grupos microbianos del cultivo de enriquecimiento de la muestra Hem en el medio $\text{DG} + \text{S}^0$	103
Figura 45: Abundancias relativas de diferentes grupos microbianos del cultivo de enriquecimiento de la muestra Mag en el medio $\text{DG} + \text{S}^0$	105
Figura 46: Abundancias relativas de diferentes grupos microbianos del cultivo de enriquecimiento P1 en el medio DG.....	106
Figura 47: Relaciones de los diferentes taxones microbianos identificados en las muestras secuenciadas por Illumina (Hem, Mag y P1) realizado por el programa bioinformático Calypso a nivel de phylum	108
Figura 48: Abundancia relativa de cada ruta metabólica en las muestras ambientales.....	110
Figura 49: Abundancia relativa del metabolismo del azufre en las muestras ambientales.....	111
Figura 50: Diferencias significativas en el metabolismo del azufre entre la muestra P1 con respecto a las muestras Hem y Mag	111

Figura 51: Diferencias significativas en el metabolismo del azufre de la muestra Hem respecto Mag y P1	112
Figura 52: Abundancia relativa de las enzimas implicadas en el metabolismo del nitrógeno.....	113
Figura 53: Diferencias en el metabolismo del nitrógeno en Hem con respecto a Mag y P1.....	115
Figura 54: Diferencias significativas encontradas en el metabolismo del nitrógeno en la muestra Mag con respecto a Hem y P1	116
Figura 55: Abundancia relativa de diferentes tipos de transportadores ABC en las muestras ambientales.....	119
Figura 56: Abundancia relativa de diferentes tipos de transportadores no ABC en las muestras ambientales.....	119
Figura 57: Abundancia relativa de otras enzimas de interés en las muestras ambientales.....	120
Figura 58: Hibridación positiva de Bacteria en las muestras Berr (A-B), P1 (C-D), Hem(E-F) y Mag (G-H) utilizando la sonda EUB338-I-II-III combinadas	121
Figura 59: Señal de hibridación en las muestras Berr (A-B), P1 (C-D) y Mag (E-F) usando la sonda ARCH 915.....	122
Figura 60: Hipótesis de la evolución temporal de la comunidad microbiana de la unidad litoestratigráfica del Origen.....	130
Figura 61: Modelo geomicrobiológico de la muestra Mag, en la unidad litoestratigráfica del Origen.....	131
Figura 62: Modelo geomicrobiológico de la muestra Hem, en la unidad litoestratigráfica del Origen.....	133
Figura 63: Modelo geomicrobiológico de la muestra Berr de la zona de Berrocal.....	135
Figura 64: Modelo geomicrobiológico de la muestra P1, el revestimiento de roca situado en la cuenca de Berrocal.....	137
Figura 65: Referencias bibliográficas de revestimientos ricos en Fe con su año y ubicación geográfica	165
Figura 66: PCRs con cebadores específicos de Cyanobacteria	168
Figura 67: Curva de rarefacción de la secuenciación Sanger de las muestras Hem y Mag	169
Figura 68: Curva de rarefacción de las secuenciaciones Sanger en la muestra Ror	170
Figura 69: Curva de rarefacción de la secuenciación Sanger de la muestra Berr.....	170
Figura 70: Curva de rarefacción de la secuenciación por Illumina Mi-Seq de la muestra Hem	171
Figura 71: Curva de rarefacción de la secuenciación por Illumina Mi-Seq de la muestra Mag.....	171
Figura 72: Curva de rarefacción de la secuenciación por Illumina Mi-Seq de la muestra P1.....	172
Figura 73: Árbol de máxima verosimilitud realizado con las secuencias Hem.	174

Figura 74: Árbol de máxima verosimilitud realizado con las secuencias forward de las diferentes extracciones realizadas de Mag.....	175
Figura 75: Árbol de máxima verosimilitud realizado con las secuencias reverse de las diferentes extracciones realizadas de Mag.....	176
Figura 76: Árbol de máxima verosimilitud realizado con las secuencias de las extracciones realizadas en Ror.....	177
Figura 77: Árbol de máxima verosimilitud realizado con las secuencias obtenidas de las diferentes extracciones realizadas en Berr.....	179
Figura 78: Representación gráfica del pre-análisis en Piphillin para la selección del mejor umbral de identidad	179
Figura 79: Señal de hibridación de α-Proteobacteria en Berr (A-B), P1 (C-D), Hem (E-F) y Mag (G-H) utilizando la sonda ALF 965	191
Figura 80: Señal de hibridación de β-Proteobacteria en P1 (A-B), Hem (C-D) y Mag (E-F) utilizando la sonda BET 42a.....	192
Figura 81: Señal de hibridación de γ-Proteobacteria en Berr (A-B), P1 (C-D), Hem (E-F) y Mag (G-H) utilizando la sonda GAM 42a.....	193
Figura 82: Señal de hibridación en P1 (A-B) y Hem (C-D) utilizando la sonda ACD 840 (<i>Acidiphillum</i> sp.) y señal de hibridación en las muestras Berr (E-F) y Hem (G-H) con la sonda ACI 145 (<i>Acidovorax</i> sp.).....	194
Figura 83: Señal de hibridación en Berr (A-B), P1 (C-D) y Hem (E-F) utilizando la sonda THIO820 (<i>Acidithiobacillus</i> sp.)	195
Figura 84: Señal de hibridación de Actinobacteria en las muestras de Berr (A-B), P1 (C-D), Hem (E-F) y Mag (G-H) utilizando la sonda HGC 69a	196
Figura 85: Señal de hibridación de Bacteroidetes (A-B) en Mag y Firmicutes en las muestras Berr (C-D), Hem (E-F) y Mag (G-H) utilizando las sondas CF 319a y LGC 354a + b respectivamente	197
Figura 86: Señal de hibridación de <i>Sulfobacillus</i> sp. en las muestras de Berr (A-B), P1 (C-D) y Mag (E-F) utilizando la sonda SUL 228.....	198
Figura 87: Señal de hibridación de <i>Chloroflexi</i> en las muestras Berr (A-B), P1 (C-D), Hem (E-F) y Mag (G-H) utilizando sondas CFX 1223 + GNSB 938 combinadas	199
Figura 88: Señal de hibridación de Cyanobacteria (A-B) en Hem y señal de hibridación SRB en las muestras P1 (C-D), Hem (E-F) y Mag (G-H) utilizando las sondas CYA 358 y SRB 385 respectivamente.....	200
Figura 89: Señal de hibridación de Euryarchaeota en las muestras Berr (A-B), P1 (C-D) y Mag (E-F) utilizando la sonda EURY 803.....	201
Figura 90: Señal de hibridación de Acidobacterias en las muestras Berr (A-B), Hem (C-D) y Mag (E-F) utilizando la sonda SS HOL 1400	202
Figura 91: Señal de hibridación de <i>Leptospirillum</i> sp. en las muestras de Berr (A-B), P1 (C-D), Hem (E-F) y Mag (G-H) utilizando la sonda LF 655.	203

Índice de tablas

Tabla 1: Descripción de distintos tipos de revestimientos de roca (modificado de Dorn, 2013)	14
Tabla 2: Valores promedio (en tanto por ciento) de los componentes de diferentes tipos de revestimiento rocoso observados en Fontana, California, USA	16
Tabla 3: Datos cristalográficos y estructurales de los principales óxidos de manganeso	23
Tabla 4: Datos cristalográficos y estructura de los principales óxidos de hierro	25
Tabla 5: Categorización de los barnices de roca en función de su estructura y composición química	27
Tabla 6: Componentes y parámetros destacados del ICP-MS utilizado....	41
Tabla 7: Reactivos utilizados para la qPCR	44
Tabla 8: Condiciones de la reacción de amplificación de la qPCR especificada por la casa comercial	44
Tabla 9: Componentes del kit de amplificación de ADN de Invitrogen	45
Tabla 10: Condiciones de amplificación utilizando el kit de Invitrogen (para la posterior secuenciación con Sanger).....	45
Tabla 11: Componentes del kit de amplificación de ADN TaKaRa	46
Tabla 12: Condiciones de amplificación utilizando el kit de Invitrogen (para la posterior secuenciación por Illumina).....	46
Tabla 13: Cebadores utilizados en las diferentes PCR realizadas.....	46
Tabla 14: Valores de los parámetros de eliminación del vector, regiones de baja calidad y ensamblaje utilizado en PreGap4.....	48
Tabla 15: Picos de excitación y de emisión de los fluoróforos usados para los experimentos de hibridación	52
Tabla 16: Sondas para el CARD-FISH utilizadas en este trabajo. Se indica la secuencia, especificidad de la sonda, el % de formamida para la hibridación y la concentración de NaCl para el lavado de la sonda junto con el artículo de referencia en el que se describe la sonda	53
Tabla 17: Resultados de las extracciones de DNA usando diferentes metodologías.....	81
Tabla 18: Cálculo de parámetros ecológicos de interés en ecología microbiana de las muestras ambientales estudiadas.....	107
Tabla 19: Tasa de reemplazo utilizando los valores Bray-Curtis en función de la abundancia de elementos químicos en P1, Hem y Mag	108
Tabla 20: Grupos taxonómicos identificados a nivel de dominio, phylum y orden en las diferentes muestras analizadas con diferentes técnicas de ecología microbiana.....	139
Tabla 21: Grupos taxonómicos identificados a nivel de Género en las diferentes muestras analizadas con diferentes técnicas de ecología microbiana	140

Tabla 22: Cocientes de elementos obtenidos para la clasificación de las muestras en base al trabajo desarrollado por Macholdt et al., 2017	167
Tabla 23: Datos numéricos de los análisis geoquímicos realizados en las muestras Hem, Mag (Origen) y P1 (Berrocal)	167
Tabla 24: Estándares usados en la qPCR	169
Tabla 25: Información relativa a la secuenciación Illumina realizada de las muestras ambientales y cultivos	172
Tabla 26: Resultados numéricos obtenidos de la inferencia metagenómica con la herramienta bioinformática Piphillin utilizando diferentes umbrales de identidad	180
Tabla 27: Secuencias procedentes de las bases de datos utilizadas para agrupar las secuencias identificadas por secuenciación Sanger y realizar las inferencias filogenéticas de nuestras secuencias de interés	180
Tabla 28: Identificación más probable por Blastn de secuencias no clasificadas por QIIME	182
Tabla 29: Códigos KEGG de las rutas metabólicas	185
Tabla 30: Códigos KEGG de las enzimas implicadas en el metabolismo del azufre.....	186
Tabla 31: Códigos KEGG de las enzimas implicadas en el metabolismo del nitrógeno.....	187
Tabla 32: Códigos KEGG de transportadores de membrana tipo ABC...	188
Tabla 33: Códigos KEGG de transportadores de membrana no ABC	189
Tabla 34: Códigos KEGG de otras enzimas de interés	190

Lista de ecuaciones

$Mn^{2+} + 1/2 O_2 + H_2O \rightarrow MnO_2 + 2 H^+$	21
$2 Mn^{3+} \leftrightarrow Mn^{2+} + Mn^{4+}$	22
$Mn^{3+} + 2 H_2O \leftrightarrow MnOOH + 3 H^+$	22
$MnO_2 + 4 H^+ + 2 e^- \rightarrow Mn^{2+} + 2 H_2O$	22
$2 H_2O_2 \rightarrow 2 H_2O + O_2$	23
$Fe^{3+} + 3 H_2O \leftrightarrow Fe(OH)_3 + 3 H^+$	24
$Fe^{2+} + 2 H^+ + h\nu \rightarrow 2 Fe^{3+} + H_2$	24
$2 H^+ + 2 H_2O_2 + 2 e^- \rightarrow 2 H_2O$	118
$O_2 + 2 H^+ + 2 e^- \rightarrow H_2O_2$	118

Lista de acrónimos

- BioNJ: Bio Neighbor-Joining
- Ce*: Cerio en estado excitado
- CPR: Candidate Phyla Radiation
- ECE: Mecanismo de transferencia electroquímica
- EDTA: Ácido etiléndiaminotetracético
- EDX: Espectroscopía de energía dispersiva de rayos X
- EtOH: Etanol
- FAME: Análisis del éster metílico del ácido graso
- Ga: Gigaños
- GTR: General Time Reversible (modelo evolutivo)
- ICP-MS: Espectrometría de Masas con Plasma Acoplado Inductivamente
- IPB: Faja Ibérica Pirítica
- IRMS: Espectrometría de Masas de Relaciones Isotópicas
- OTU(s): Unidad(es) Operacional(es) Taxonómica(s)
- PCA: Análisis de Componentes Principales
- PCR: Cadena en Reacción de la Polimerasa
- qPCR: PCR Cuantitativa
- RDP: Ribosomal Database Project
- REE(s): Elemento(s) de Tierras Raras
- REY(s): Elemento(s) de Tierras Raras + Itrio (Y)
- SEM: Microscopía Electrónica de Barrido
- TIM: Transitional model (modelo evolutivo)
- TN: Nitrógeno Total
- TOC: Carbono orgánico Total
- UCC: Corteza Continental Superior
- USA: Estados Unidos de América
- UV: Ultravioleta
- XRD: Difracción de Rayos-X

1 RESUMEN

Río Tinto es un ambiente natural ácido extremo debido a la actividad microbiana en el subsuelo de la Faja Ibérica Pirítica (IPB). El río tiene una gran cantidad de metales pesados en solución, especialmente el hierro, cuyo efecto tamponador permite mantener un pH ácido constante en el cauce del río.

Uno de los nichos microbianos menos conocidos y estudiados en el sistema de Río Tinto y de manera general en el campo de la ecología microbiana son los revestimientos minerales que se depositan sobre la superficie de las rocas. En este ambiente poliextremo hay presentes comunidades microbianas interaccionando con el sustrato rocoso y que son influenciadas de manera local y global por el ambiente donde se ubican.

El interés de los revestimientos enriquecidos en hierro son varios: por un lado su carácter altamente oxidativo, la biodiversidad presente y los ciclos biogeoquímicos a pequeña escala que se desarrollan sobre su superficie, lo que lo convierte en un microambiente de gran interés para la búsqueda de biomarcadores en Astrobiología.

En esta tesis se ha caracterizado, mediante la implementación de diferentes técnicas de ecología microbiana, los microorganismos presentes en los diferentes revestimientos de roca localizados en dos ubicaciones distintas de la cuenca del Río Tinto con diferentes características fisicoquímicas. Los resultados obtenidos muestran que la actividad microbiana de la comunidad que se observa en los revestimientos parece que está relacionada con la diversidad presente, el consumo de materia orgánica para su desarrollo y la biodisponibilidad de N en cada sistema particular estudiado.

PALABRAS CLAVE: ambiente ácido extremo, barniz de roca, biogeoquímica, biomineralización, diversidad microbiana, hierro, manganeso, película de hierro, revestimiento

2 INTRODUCCIÓN

2.1 Revestimientos en roca

Los revestimientos sobre roca (*Rock coatings*) se definen como un sedimento geoquímico complejo y heterogéneo debido a la deposición de material y a la acción (bio)química sobre el sustrato, reflejando una estrecha relación entre la litosfera, la biosfera, la hidrosfera y la atmósfera (Schindler and Dorn, 2017), que conducen a la modificación del tono y color de los paisajes rocosos, lo que hace que muchas veces no sea observada la coloración y apariencia real de las rocas (Dorn, 2013).

La diversidad de revestimientos y las comunidades microbianas estudiadas en diferentes lugares refleja cómo la dinámica evolutiva ha permitido a la vida adaptarse a todo tipo de condiciones ambientales diferentes y poliextremas (Gorbushina and Broughton, 2009), siendo un ambiente susceptible de colonización microbiana desde hace más de 2,6 Ga (Watanabe et al., 2000).

Cabría indicar que numerosos revestimientos han sido utilizados como lienzo por nuestros antepasados, realizando numerosos grabados (denominados en arqueología petroglifos), siendo estas obras prehistóricas el antecedente más cercano que se conoce a la escritura cuneiforme (Bradley et al., 1994).

2.1.1 Antecedentes y tipos de revestimiento

La primera descripción científica de revestimientos sobre rocas fue realizada por Alexander von Humboldt en el siglo XIX en su libro *Personal Narrative of Travels to the Equinoctial Regions of the New Continent During the Years 1799-1804* (Humboldt, 1852). Von Humboldt dedujo correctamente que la cubierta negra de las rocas en el río Orinoco (Venezuela) era una acumulación rica en Mn.

También Charles Darwin en su libro *Natural history and geology* de 1878 observó y describió finos revestimientos sobre rocas en sus expediciones a Sudamérica (Darwin, 1878). Ya en el siglo XX, los recubrimientos de roca han sido estudiados de manera sistemática en múltiples disciplinas (Gorbushina and Broughton, 2009).

Estos recubrimientos que se observan depositadas sobre las rocas pueden encontrarse en una gran multitud de superficies litológicas expuestas, que van desde una escala microscópica a una escala planetaria, en cualquier tipo de meteorización terrestre, con condiciones fisicoquímicas muy diversas y en multitud de entornos geológicos, bioclimáticos y antropogénicos distintos (Dorn, 2013).

Las descripciones de diferentes tipos de revestimientos de roca en la literatura reflejan su gran variedad y características particulares (tabla 1). De todos ellos, este trabajo se centrará en los revestimientos que están altamente enriquecidos en hierro: los barnices de roca y las películas de hierro.

Tabla 1: Descripción de distintos tipos de revestimientos de roca (modificado de Dorn, 2013).

Nombre del revestimiento	Descripción
Película o barniz de hierro	Compuesto fundamentalmente por óxidos de hierro e hidróxidos, en más de tres cuartos su composición. Comunmente son clastos enterrados en el subsuelo que han quedado expuestos superficialmente
Barniz rocoso (o barniz de roca)	Minerales de arcilla, óxidos de Mn y Fe en cantidades variables junto a elementos traza, con rango de colores variable de negro a naranja debido a las diferentes cantidades de los óxidos
Sílice glaseado	De un color blanco claro y brillante está compuesto fundamentalmente por sílice amorfo y aluminio y a veces acompañado con algo de hierro
Corteza de carbonatos	Compuesto principalmente por carbonatos precipitados, normalmente CaCO_3 y a veces MgCO_3
Corteza de nitratos	Revestimientos de $\text{Ca}(\text{NO}_3)_2$ y KNO_3 . Sus ubicaciones son en cuevas y refugios rocosos en zonas de piedra caliza
Corteza de oxalates	Formado por oxalatos de calcio y silicio con concentraciones variables de magnesio, aluminio, fósforo, azufre, bario y/o manganeso. Se forman cerca o sobre líquenes y normalmente son de un color oscuro
Corteza de fosfatos	Minerales de fosfato (ej. fosfatos de hierro o apatita) mezclados con arcillas y a veces manganeso. Muchas veces se derivan de la descomposición de excrementos de pájaros
Corteza de sulfatos	Compuesto por la superposición de sulfatos (ej. yesos, baritina) en la roca. No se debe confundir con el yeso que se deposita sedimentariamente
Corteza de sales	Precipitación de cloruros (NaCl , KCl) en las superficies rocosas (ej. Tirez; depresión del Dallol)
Revestimiento por litobiontes	Los restos orgánicos y organismos presentes son el origen del revestimiento sobre la roca (ej. líquenes)
Pigmento	Material natural o artificial colocado en superficies rocosas por seres humanos (ej. pinturas de Atapuerca)

2.2 Revestimientos enriquecidos en hierro

Uno de los petroglifos más famosos y conocidos del mundo, situado en el condado de San Juan en Utah (USA) es el llamado *Newspaper Rock*, unas obras rupestres que fueron realizados por los antiguos habitantes de Norteamérica (Malotki and Wallace, 2011). Estos petroglifos fueron grabados eliminando mediante raspado el revestimiento oscuro sobre la roca en la que se asientan.

Es este revestimiento oscuro depositado sobre las rocas conocido en la literatura científica como barniz rocoso o barniz de roca, también llamado de manera equivalente barniz desértico cuando es observado en paisajes áridos, sitios en los que mejor ha sido estudiado este tipo de revestimiento (Dorn, 2007).

Básicamente un barniz de roca se puede definir como una mezcla de materiales con un grosor delgado de no más de 500 μm con aproximadamente dos tercios en su composición de minerales arcillosos cementados sobre una roca madre por cantidades variables de óxidos de hierro y manganeso y que componen típicamente alrededor de una cuarta parte de su composición, pudiendo presentar una textura en capas impuesta por los minerales de arcilla (Dorn and Oberlander, 1981; Dorn, 2007).

La presencia de arcillas en las que se asientan los óxidos y la anomalía geoquímica de enriquecimiento en manganeso respecto al valor promedio que se encuentra en la corteza terrestre es algo que caracteriza a este tipo de revestimiento de roca y que permite diferenciarlo de otros revestimientos similares como las películas de hierro (tabla 2).

A diferencia de los barnices de roca, las películas de hierro (*iron films*) se forman donde el agua de rocío se puede concentrar fluyendo continuamente, envolviendo y penetrando clastos enterrados total o parcialmente en las capas superficiales de suelo o en sedimentos y que cementa con la cristalización de los granos en vez de darse directamente sobre una superficie de roca desnuda, apareciendo posteriormente en pendientes que experimentan una erosión del suelo, quedando expuestas a la intemperie, sufriendo alteraciones químicas posteriores que le dan las características que se observan (Dorn and Meek, 1995; Dorn, 2007).

El interés de los revestimientos enriquecidos en hierro en investigación son muy diversos: como una potencial herramienta de datación de superficies rocosas (Dorn et al., 1990; Liu, 2003), como monitores ambientales para ciertos metales pesados (Dorn and Krinsley, 1991), el estudio de petroglifos (Dorn, 2000) y por supuesto de gran interés en ecología microbiana (ej. Kuhlman et al., 2006) debido a su carácter altamente oxidante, la biodiversidad presente y los ciclos biogeoquímicos a pequeña escala que se desarrollan en ellos, lo que lo hace muy interesante de estudiar en el campo de la astrobiología (Allen et al., 2001; Malherbe et al., 2017).

Los nódulos de manganeso, aunque no puede considerarse un revestimiento de roca, ya que en su origen y formación no tienen una influencia atmosférica directa, reflejan una gran ubicuidad de los depósitos de hierro y manganeso en el planeta Tierra, con gran interés para tecnologías emergentes y por el enriquecimiento en determinados elementos que se dan en los mismos (Thiagarajan and Lee, 2004; Koschinsky and Hein, 2017).

Tabla 2: Valores promedio (en tanto por ciento) de los componentes de diferentes tipos de revestimiento rocoso observados en Fontana, California, USA.

Tipo	Na ₂ O	Al ₂ O ₃	SiO ₂	CaO	TiO ₂	MnO	Fe ₂ O ₃
Película de hierro	ND	3,84± 0,77	1,36± 0,44	0,78± 0,06	0,26± 0,10	0,86± 0,12	79,33± 1,38
Sílice glaseado	0,65± 0,34	23,67± 1,89	43,15± 2,18	1,36± 0,24	ND	2,64± 0,06	4,82± 0,47
Barniz de roca	1,38± 0,67	12,10± 3,12	20,34± 5,24	7,94± 8,63	1,06± 0,36	17,20± 8,79	6,45± 2,87

ND: Por debajo del límite de detección. Los valores remarcados en negrita indican los componentes principales característicos de cada revestimiento, con más de un 5% de abundancia en promedio. Esos valores promedio se calcularon a partir de los datos procedentes de Dorn and Meek, 1995.

2.3 Barnices de roca. Generalidades

A pesar de su mayor estudio en ambientes desérticos debido a su fácil localización y a la erosión mediada por el viento que puede favorecer su formación inicial, los barnices de roca pueden encontrarse en ambientes muy diversos (Dorn, 2013). La categorización y clasificación de barnices de roca de diferentes lugares es difícil debido a su heterogeneidad y a las condiciones fisicoquímicas particulares donde se forman, pero las principales observaciones realizadas por primera vez de manera detallada por la química analítica Celeste Engel y el geomorfológico Robert Sharp a mediados del siglo XX, y los posteriores estudios de investigación de barnices de roca en diferentes lugares permite resumir en estos puntos principales las principales características que se observan en los barnices de roca (Engel and Sharp, 1958; Dorn, 2007; Macholdt et al., 2017):

- Los elementos principales son Si, Al, O y cantidades variables de Fe y Mn. Si y Al comprenden la mayor parte de la deposición de barniz de roca, consistente con minerales de arcilla cristalinos como la illita, la

montmorillonita o arcillas similares, pudiendo tener una mezcla de varios tipos de arcilla, siendo estas arcillas habitualmente encontradas en todo tipo de ambiente.

- Los óxidos de hierro y manganeso comprenden típicamente de un cuarto a un tercio del barniz de roca, con una alta variabilidad local tanto en su abundancia a escala microscópica como a escala métrica. Este hecho refleja la influencia de numerosas interacciones en su formación. La birnesita $[(\text{Na}, \text{Ca}, \text{K})_{0.6} (\text{Mn}^{+4}, \text{Mn}^{+3})_2\text{O}_4 \cdot 3/2 \text{H}_2\text{O}]$ y minerales de la familia de la birnesita como la manganita (MnOOH) o la pirolusita (MnO_2) suelen ser los principales minerales de manganeso que aparecen en barnices de roca estudiados. En el caso de los óxidos de hierro, los principales minerales que se observan son tres: la goetita $[\alpha\text{-FeO}(\text{OH})]$, la chamosita férrica $[(\text{Fe}^{+2})_5\text{Al}(\text{AlSi}_3\text{O}_{10})(\text{OH})_8]$ y la hematita (Fe_2O_3), siendo la hematita la más abundante en los barnices de roca estudiados. Estos óxidos se pueden encontrar en estructuras laminares impuestas por la deposición de los minerales de arcilla sobre la superficie de la roca en la que se asientan.
- La heterogeneidad de un barniz se refleja en la abundancia y presencia de elementos menos abundantes que los nombrados anteriormente. En orden decreciente de concentración, éstos tienden a ser Ca, Mg, Na, K, Ti, P, S y Ba. Mg, K y Ca y se correlaciona su presencia con las arcillas, por los intercambios de cationes que ocurren típicamente en la formación de estructuras cristalinas.
 - Como elementos menores, los más abundantemente encontrados son Cu, Ni, Zr, Pb, V, Co, La, Y, B, Cr, Mo, Zn, Ag, Ga (Wayne et al., 2006).
- Ciertos elementos y trazas de metales pesados se correlacionan con los óxidos de Mn y Fe debido a las propiedades de los oxihidróxidos que estos elementos forman. Por esta razón, el Ca se correlaciona positivamente con la presencia de Mn, probablemente debido a la capacidad de los oxihidróxidos de Mn y Fe para incorporar iones de Ca^{+2} alrededor de su estructura cristalina (Raymond et al., 1993), aunque suele estar subenriquecida en los barnices con respecto a los valores promedios de la corteza continental superior (UCC). El Ba también se ha relacionado con la presencia de Mn y con la presencia de S como nanocristales de sulfatos de bario. El Ti se relaciona con el Fe en granos detríticos de titanomagnetitas (Dorn et al., 1990; Mancinelli et al., 2002), y elementos como el Ni y Pb, también parece tener correlación como resultado de la adsorción preferencial de cargas positivas en los cristales.

La comunidad científica considera que la clave de la formación de los barnices de roca está en explicar la cantidad de Mn que tienen, un elemento normalmente traza en suelos y rocas (Dorn, 2007), ya que la relación de abundancia Mn:Fe en el barniz varía en algunos casos desde una proporción

algo inferior a 1:1 a un 50:1, una proporción que se sitúa muy por encima de lo que se encuentra en la corteza terrestre, de 1:60 en promedio (Dorn, 2007).

Se han propuesto varios modelos conceptuales para explicar la formación de los barnices, y que implican mecanismos bióticos y/o abióticos (figura 1) en el que las variaciones del pH en el barniz, el agua disponible y los microorganismos presentes pueden tener un importante papel al permitir solubilizar y/o precipitar compuestos, manteniendo al final al manganeso y al hierro en una condición inmóvil en el barniz como óxidos, permitiendo que éstos se acumulen a lo largo del tiempo (Dorn, 2007).

Sin embargo, los diferentes modelos tienen distintos problemas para sostenerse por sí mismos. El modelo abiótico es altamente problemático, ya que requiere de fluctuaciones rápidas en el pH para permitir la solubilización, concentración y precipitación de los óxidos. Aunque explica las características botroidales observadas, si las fluctuaciones no son rápidas, la acción continuada de los H^+ acabaría disolviendo el manganeso y el hierro del barniz, y además no explica la acumulación de elementos traza ni la menor cantidad de Mn (III) en los óxidos como cabría esperar si el modelo abiótico fuera el más probable (Tebo et al., 2004; Thiagarajan and Lee, 2004; Dorn, 2007).

La actividad biológica puede ser un mejor candidato para la formación de los barnices (Dorn and Oberlander, 1981). Numerosos microorganismos son capaces de oxidar el manganeso y el hierro (Tebo et al., 2005; Weber et al., 2006) y se ha descrito la presencia de comunidades microbianas en barnices de roca de diferentes lugares con una cierta similitud funcional (ej. Kuhlman et al., 2006; Kuhlman et al., 2008; Northup et al., 2010; Esposito et al., 2015; Alnaimat et al., 2017; para ver con más detalle las comunidades microbianas estudiadas en barnices de roca, ir a la figura 65, apéndice A). También se han publicado estudios sobre la posible transferencia electrónica extracelular entre minerales semiconductores y sus comunidades bacterianas (Ren et al., 2019).

Pero la sola presencia de microorganismos no es indicativa de que por sí mismos sean los responsables directos de la formación del barniz, ya que encontrar microorganismos en el barniz no prueba que juegen un papel en la formación de éste (Gorbushina et al., 2001). De hecho, revestimientos ricos en manganeso similares en apariencia al barniz de roca terrestre se han identificado en rocas marcianas ubicadas en el cráter Gale por el instrumento ChemCam en el rover Curiosity (Lanza et al., 2014), y esta observación puede reforzar la inclusión de parámetros abióticos en la formación del barniz de roca.

Los componentes orgánicos en los barnices, más allá de extracciones de ADN, no han sido bien estudiados por las limitaciones de la cantidad de barniz presente en una muestra (Perry and Kolb, 2004). Se han reportado en barnices rocosos la presencia de pequeñas cantidades de materia orgánica (Dorn and Oberlander, 1981, 1982; Dorn, 2007) aunque otros barnices tienen mayor cantidad de materia orgánica, con aminoácidos libres y péptidos como el barniz del desierto de Phoenix, y que pueden jugar un papel en la estabilización del barniz (Perry et al., 2003).

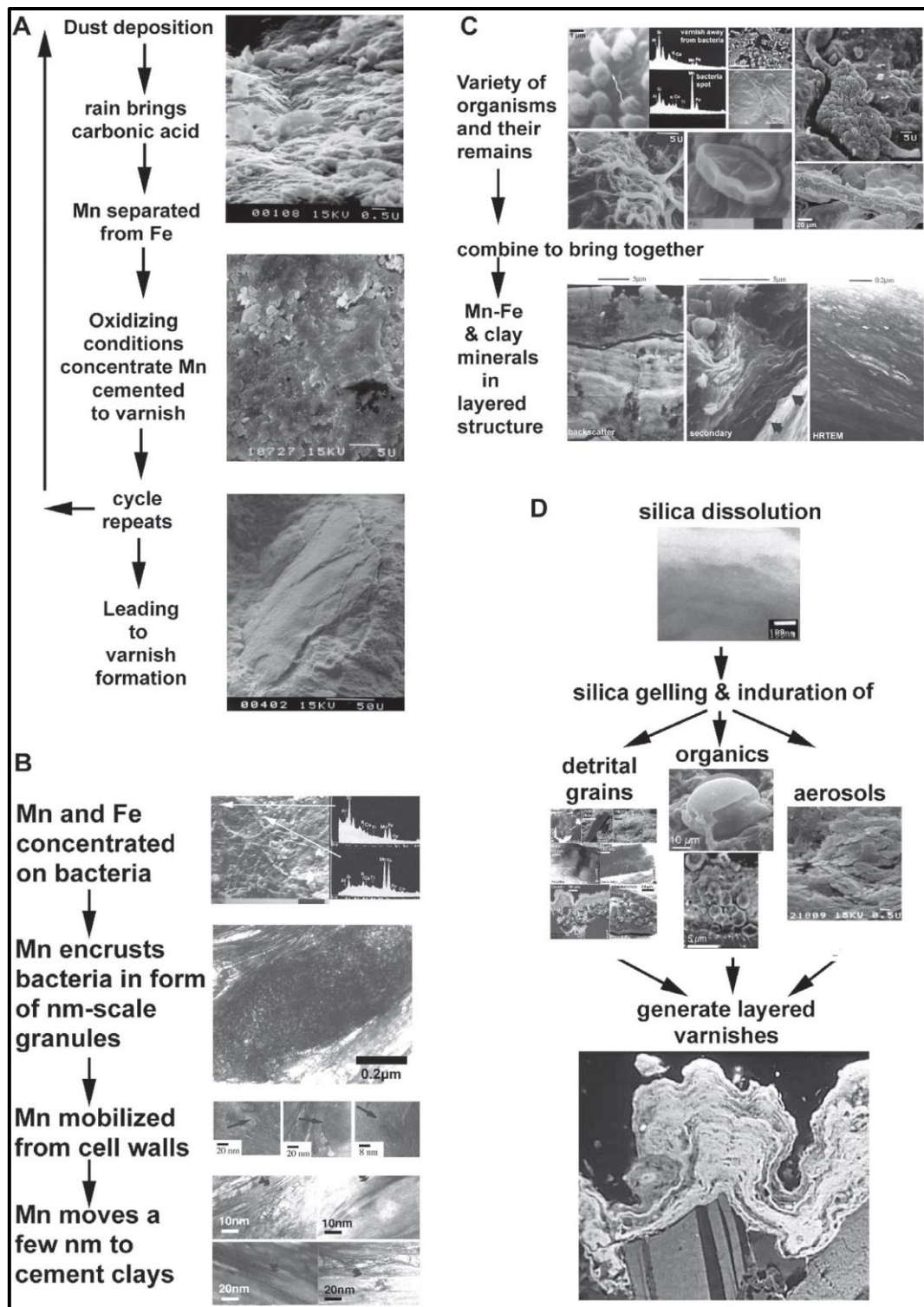


Figura 1: Modelos conceptuales propuestos para la formación de los barnices de roca. A) Enriquecimiento abiótico debido a interacciones de soluciones ácidas que separan el Mn^{+2} permitiendo las condiciones oxidantes de la roca concentrarlo. B) Interacciones entre arcilla y microorganismos donde la formación del barniz empieza con la oxidación y concentrado del Mn. Los eventos hídricos en el sistema disuelven a escala nanométrica los óxidos de Mn, generando estructuras estratificadas en los desiertos como consecuencia de los pocos eventos hídricos que padece el barniz. Los restos de bacterias cementan con las arcillas formando parte la materia orgánica del sistema. C) Los litobiontes y/o sus remanentes orgánicos (esporas, biofilms...) realizan

el papel principal de la deposición del barniz al concentrar óxidos y oxihidróxidos de Mn y Fe. D) La disolución del sílice a ácido silícico de partículas minerales transportadas y depositadas en la superficie del revestimiento puede ser debido a la actividad biológica, y este proceso engloba a la materia orgánica, aerosoles, partículas de polvo y/o microorganismos presentes, depositándose a lo largo del tiempo (Perry and Kolb, 2004). Imágenes extraídas de Dorn, 2007 y texto modificado de Dorn, 2007.

Aparte de encontrarse en el barniz de Phoenix aminoácidos clásicos, como lisina, valina o glicina, también se encuentran aminoácidos inusuales como la β -Alanina o el ácido γ -aminobutírico, conocidos por formarse en procesos de descarboxilación enzimática, por lo que queda clara la presencia de componentes biogénicos en, al menos, algunos barnices (Perry et al., 2003).

También la presencia de enantiómeros como la D-alanina o el D-glutámico es consistente con la composición química del peptidoglicano de las bacterias gram positivas. Sin embargo, otras moléculas de interés microbiológico como el ácido diaminopimélico no se han detectado. Este compuesto forman parte del peptidoglicano de bacterias gram negativas, por lo que debería detectarse fácilmente si los microorganismos crecen de manera activa a lo largo del tiempo sobre el barniz, por lo que junto con las observaciones de diversidad realizadas en barnices de roca en las que las comunidades microbianas tienen una mayor abundancia de bacterias gram positivas sugiere que estos microorganismos puedan estar potencialmente más implicadas en los barnices que las bacterias gram negativas (Perry et al., 2003; Perry and Kolb, 2004).

Y la presencia relativamente alta de aminoácidos lábiles como la serina o la treonina puede revelar una actividad más reciente de los microorganismos presentes en barniz de roca y que sea la comunidad microbiana más casual en el barniz y que por tanto no se implique activamente en su formación, algo que puede tener relación con los valores negativos encontrados en el cociente $\delta^{13}\text{C}/\delta^{12}\text{C}$, típico de material orgánico sedimentado. Aunque procesos biológicos como la fotosíntesis también puede generar esos valores (Perry et al., 2003; Perry and Kolb, 2004; Vitoria et al. 2004).

Junto a estos análisis de aminoácidos y derivados, también ha tenido éxito la extracción de lípidos mediante la técnica FAME aplicado al barniz de roca y el suelo cercano al barniz en el desierto de Mojave, California (Schelble et al., 2005).

Los resultados del trabajo de Schelble y colaboradores revelaron una mayor presencia en el barniz de lípidos correspondientes a bacterias gram positivas y hongos respecto a las gram negativas, apoyando los resultados anteriormente mencionados en el barniz del desierto de Phoenix (Perry et al., 2003). Sin embargo, esta tendencia se observó también en el suelo analizado alrededor del barniz, por lo que los investigadores concluyeron que los resultados obtenidos a partir de la composición lipídica no apoyaba la hipótesis de que la comunidad microbiana sea la que lidere la formación del barniz de roca y que

esa variedad de microorganismos observada sea debida al azar y corresponda únicamente a que sea un hábitat aceptable para su desarrollo.

Probablemente sea una combinación de los modelos presentados en la figura 1 en función de las particularidades en donde se ubique un barniz de roca y el azar lo que mejor explique la formación de los barnices de roca, pero sigue vigente el debate sobre su biogenicidad.

2.3.1 Química y mineralogía

A continuación se comentarán aspectos generales de la química y la mineralogía en el barniz de roca de los dos elementos principales que componen y caracterizan a este tipo de revestimiento: el manganeso y el hierro.

2.3.1.1 Manganeso

El manganeso (<https://www.mindat.org/min-11478.html>), un micronutriente esencial para los seres vivos, puede encontrarse en la naturaleza con los estados de oxidación +2, +4, y de manera menos habitual, +7. En contacto con oxígeno precipita de manera lenta como dióxido de manganeso y su presencia suele estar asociada al hierro (Dorn, 2007). De hecho, los depósitos más abundantes de óxidos de manganeso se encuentran en la profundidad de los océanos como nódulos de ferromanganeso, cuyos tamaños oscilan de 0,5-25 cm de diámetro y que se estima que pueden cubrir en promedio hasta un 25% de los fondos oceánicos (Koschinsky and Hein, 2017).

Las reacciones redox entre Mn (II) y Mn (IV) están fuertemente gobernadas por el pH (Shihua et al., 1994). En aguas naturales, la oxidación del Mn (II) requiere valores de pH > 8,5 para oxidarse homogéneamente en semanas o meses sin asistencia de la actividad microbiana (Dorn, 2007). Esta tasa de oxidación puede incrementarse por la presencia de abundantes oxihidróxidos de Fe presentes en los barnices, pero la oxidación abiótica catalizada por los oxihidróxidos de Fe resultaría en la formación de oxihidróxidos de Mn (III), que no se encuentran de manera abundante en las muestras de barnices de roca estudiados (Tebo et al., 2004; Dorn, 2007).

El Mn (II) es la forma soluble más importante en aguas naturales. Ya que el Mn (III) es menos estable termodinámicamente, el Mn (IV) es el principal oxihidróxido de Mn que puede encontrarse en el barniz de roca, con una valencia promedio entre +3,8 y +3,9 tal y como se muestra en la reacción 1 (McKeown y Post, 2001):



Un hecho interesante en la oxidación del Mn (II) a Mn (IV) es que la reacción no sucede directamente en un solo paso, sino en dos (Hem and Lind, 1983). Primero precipita como un oxihidróxido (MnOOH) y a partir de éste forma óxidos de Mn tetravalentes, como el MnO₂ y en la que el Mn(III) actúa de precursor tal y como se puede apreciar en la voltametría cíclica en 2 M de ácido sulfúrico, en el que se observan dos picos anódicos, siendo el primero más agudo que el segundo, indicando que la oxidación del Mn (II) soluble a MnO₂ ocurre en dos pasos (Nijjer et al., 2000), tal y como propone el mecanismo de transferencia electroquímica ECE (Svir et al., 2005) en el que el producto de una primera reacción de transferencia electrónica está involucrado en la siguiente reacción química, formando un compuesto más fácil de reducir (u oxidar) que la especie inicial.

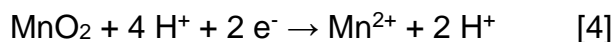
Así pues, el Mn (III) puede sufrir una dismutación espontánea a concentraciones altas de ácido como se aprecia en las reacciones 2 y 3 (Shihua et al., 1994; Nijjer et al., 2000):



O bien puede ser hidrolizado a un oxihidróxido intermediario, el MnOOH, con la participación del H₂O:



Y posteriormente el producto intermediario, el oxihidróxido MnOOH, puede ser oxidado a MnO₂ como se ha comentado anteriormente, que a su vez puede ser atacado en condiciones ácidas, siendo la reacción global del proceso la reacción 4:



Lo que se observa es que en condiciones químicas controladas de laboratorio la reducción de depósitos de MnO₂ es dependiente de la concentración de ácido en el electrolito de la solución (Shihua et al., 1994), y se forman grandes cantidades de MnO₂ cuando la acidez se reduce; es decir que una alta acidez inhibe la deposición de MnO₂ mientras que una baja acidez incrementa la tasa de deposición, como podemos apreciar en las reacciones 1-4 (Nijjer et al., 2000).




En cuanto a la mineralogía, más de 30 especies minerales han sido validadas (<https://www.mindat.org/min-26664.html>), estando muchas veces

asociadas con otros minerales como el cuarzo, la calcita, la goetita o la hematita.

La mayoría de los óxidos de Mn naturales suelen tener tamaños nanométricos y poco cristalinos, especialmente en suelos y sedimentos (Dixon and White, 2002), lo que dificulta su identificación por técnicas como el XRD, por la extensa dilución que presenta donde se deposita. Su identificación sólo es posible si están concentradas como revestimientos (manganos) suficientemente grandes o nódulos (Barrón and Torrente, 2013).

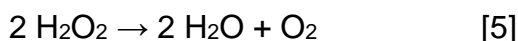
De todas las especies minerales de manganeso descritas, las comúnmente encontradas en barnices de roca son la birnesita y la pirolusita (tabla 3), aunque esto no excluye que otros óxidos de manganeso estén presentes (Macholdt et al., 2017).

Tabla 3: Datos cristalográficos y estructurales de los principales óxidos de manganeso

Mineral	Fórmula (se indica el estado de oxidación del Mn)	Sistema cristalino	Estructura cristalina
Manganita	$\text{Mn}^{+3} \text{OOH}$	Monoclínico	
Birnesita	$(\text{Na}, \text{Ca}, \text{K})_{0,6} (\text{Mn}^{+4}, \text{Mn}^{+3})_2 \text{O}_4 \cdot 1,5 \text{H}_2\text{O}$	Monoclínico	
Pirolusita	$\text{Mn}^{+4} \text{O}_2$	Tetragonal	

En la estructura cristalina, el óxido de Mn se representa en marrón y las partículas en azul son las posibles impurezas que puede incorporar la estructura al cristalizar (tabla modificada de Barrón and Torrente, 2013)

Para terminar, es interesante remarcar en este punto que el peróxido de hidrógeno (H_2O_2) es altamente reactivo con óxidos de manganeso como el MnO_2 , siendo éste un excelente catalizador que descompone el peróxido de hidrógeno en agua y oxígeno (Omar, 2014; reacción 5), lo que puede hacer al barniz de roca un excelente protector de la radiación UV (Allen et al., 2001).



2.3.1.2 Hierro

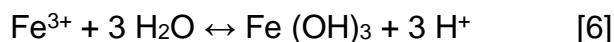
El hierro es uno de los elementos más abundantes en la Tierra, el cuarto más abundante de la corteza terrestre y un elemento relativamente abundante

en el universo tras el H, He y Li. No en vano en cosmología es un elemento fundamental, puesto que es el elemento más pesado que puede formarse por la fusión termonuclear en las estrellas masivas (Cornell and Schwertmann, 2003).

La oxidación y reducción microbiana del Fe (II) / Fe (III) es un componente fundamental de los ciclos biogeoquímicos, y necesario como cofactor de numerosas enzimas fundamentales, que además influyen en los ciclos de otros elementos como el nitrógeno. Es por ello que se puede convertir en un importante factor limitante del crecimiento al ser su disolución en medios no ácidos limitada. Y por ello los organismos han desarrollado mecanismos y estrategias para secuestrar el hierro e incorporarlo a las células como el uso de sideróforos (Weber et al., 2006).

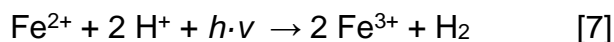
El hierro puede encontrarse en la naturaleza en forma reducida (+2) o en forma oxidada (+3), y dependiendo de las condiciones ambientales, el Fe puede formar compuestos estables con el estado divalente o trivalente (Cornell and Schwertmann, 2003).

A valores de pH neutro o básico, el hierro existe como mineral insoluble. La solubilidad del hierro se incrementa conforme el pH desciende y por debajo de un pH ≈ 4 el Fe (II) existe principalmente en forma soluble, siendo estable en solución acuosa incluso en presencia de oxígeno, evitando su precipitación (Barrón and Torrente, 2013). Además el Fe (III) tiene un fuerte efecto tamponador del pH en condiciones ácidas (reacción 6), gracias a la acción del ión férrico, Fe (III), en solución:



Lo que explica que el pH de ambientes como río Tinto (Huelva, Andalucía) sea de un valor constante entorno a $\approx 2,3$ (Amils et al., 2014).

También el Fe (II), que en solución puede formar $\text{Fe}(\text{OH})^+$, tiene la capacidad de absorber la radiación en el rango de los 200-400 nm, generando la formación de ión férrico, Fe (III) (ecuación 7) y que se considera relevante en el eón Arcaico ya que, en ausencia de una capa de ozono, pudo ser un eficaz mecanismo de fotoprotección (Posth et al., 2013). De hecho esta fotoprotección del Fe (II) ha sido evaluada como muy eficaz en experimentos de laboratorio, permitiendo la actividad fotosintética en condiciones altamente estresantes para las cadenas de transporte de electrones de estos organismos (Gómez et al., 2007).



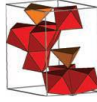
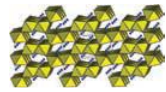


En cuanto a la mineralogía, el conocimiento detallado de la estructura cristalina, la morfología y el tamaño de los óxidos de Fe es crucial para entender muchas de sus propiedades, incluyendo el color, la solubilidad, capacidad de adsorción, o la reactividad de las nanopartículas de óxidos de hierro (Banfield and Zhang, 2001; Cornell and Schwertmann, 2003; Barrón and Torrente, 2013).

Esencialmente la transformación de los óxidos de Fe puede ser a través de dos mecanismos diferentes: por un lado mediante la precipitación del Fe (II) o Fe (III) debido a la meteorización de la roca o por biomineralización (excepto la hematita) y por otro lado mediante la conversión de un precursor de óxido de Fe por disolución y reprecipitación (Cornell and Schwertmann, 2003; Barrón and Torrente, 2013).

Las reacciones de hidrólisis, oxidación, deshidratación, deshidroxilación, redisolución y cristalización potencialmente involucradas son de una gran complejidad donde la hematita y la goethita son los óxidos de Fe más comunes por su mayor estabilidad termodinámica (tabla 4).

Su precursor inicial habitualmente es la ferrihidrita, un óxido de hierro de estructura cristalina amorfa debido a la gran cantidad de moléculas de H₂O en su estructura (tabla 4). La agregación, disolución, deshidratación y/o reestructuramiento molecular acaban por transformar la ferrihidrita en otros óxidos de hierro más estables (Barrón and Torrente, 2013).

Tabla 4: Datos cristalográficos y estructura de los principales óxidos de hierro

Mineral	Fórmula	Sistema cristalino / Tipo de suelo presente	Estructura cristalina
Ferrihidrita	$\text{Fe}_{10}\text{O}_{14}(\text{OH})_2 \cdot n \text{H}_2\text{O}$	Hexagonal / Aguas estancadas, sedimentos, gleys...	 Amorfa
Goetita	$\alpha\text{-FeOOH}$	Ortorómbico / Aerobio y anaerobio	
Magnetita	Fe_3O_4	Cúbico / Anaerobio	
Hematita	$\alpha\text{-Fe}_2\text{O}_3$	Trigonal / Aerobio	

En la estructura cristalina, el hierro se representa de color rojo, amarillo o gris en función del estado de oxidación que posee (rojo Fe⁺³, amarillo Fe⁺², gris Fe⁺²/ Fe⁺³). Tabla modificada de Cornell and Schwertmann, 2003 y Barrón and Torrent, 2013.

2.3.2 Características micro- y macromorfológicas de los barnices

El barniz de roca puede tener un acabado opaco, mate o brillante con un color de negruzco a marrón o anaranjado en función de la mayor o menor cantidad de manganeso presente. Las variaciones climáticas locales alteran profundamente las características morfológicas de los barnices rocosos, donde la abundancia de polvo atmosférico y la composición química de la zona en la que se ubican constituyen un factor importante en la composición final de elementos que se observa en estos revestimientos (Dorn, 2007).

Los barnices poseen micromorfológicas que van desde un rango laminado a botroidal debido a los óxidos que poseen (Macholdt et al., 2017). La escasez de polvo permite agrupaciones de óxidos en el barniz, favoreciendo las formas botroidales. En cambio, una gran abundancia de polvo conlleva una tendencia a la acumulación de Mn alrededor de los centros de nucleación, produciendo micromorfológicas más laminadas (Dorn, 2007).

Partículas de materia orgánica y/o inorgánica pueden sedimentar en las depresiones morfológicas debido a la irregularidad de la superficie del revestimiento, permitiendo tras su transformación mediante acción biológica y/o química la formación de una amplia variedad de otros minerales encontrados en muestras de barniz tales como feldespatos o magnetita (Dorn, 2013).

Otros factores también pueden influir en la micromorfología, como el tipo específico de arcilla, la abundancia de manganeso en las partículas de polvo, los tipos de organismos epilíticos o la abrasión de la superficie expuesta ambientalmente por la exposición directa a la luz y/o partículas de polvo (Dorn, 2007).

2.3.3 Clasificación de los barnices

La heterogeneidad de los barnices ha hecho que se clasifiquen de forma muy diversa, empezando por observaciones geoquímicas simples que muestran que el barniz de las piedras en los desiertos difiere del barniz presente en superficies rocosas que intermitentemente sufre inundaciones en ambientes hídricos (Lucas, 1905).

Solo recientemente se ha propuesto un primer intento serio de clasificación (Macholdt et al., 2017) que ha llevado a una subdivisión en categorías de los barnices de roca, como puede observarse en la tabla 5, proponiéndose subdividirlos en cinco tipos y categorizarlos según la mayor o menor presencia de ciertos elementos y por los cocientes de la composición de elementos que pueden encontrarse en las muestras (Mn/Ba, Al/Ni, Mn/REY, Mn/Ce, Mn/Pb, La/Yb y Ce/Ce*). Esta clasificación excluye a revestimientos como los nódulos de manganeso que se observan en los fondos de aguas dulces y océanos, ya que al tratarse de un medio sin la participación e influencia directa de la

atmósfera, por definición no se puede considerar que sea un barniz de roca (Macholdt et al., 2017).

Tabla 5: Categorización de los barnices de roca en función de su estructura y composición química

Tipo	Ambiente	Estructura	Ce	Ba	Mn	Pb	Mn/Ba	Ce/Ce*	Total REEs
I	Desiertos áridos	Laminación bien definida	+++	+++	++	++	+ / ++	+++	+++
II	Semiárido	Sin laminación	+++	+++	+++	++	+ / ++	+++	+++
III	Semiárido	Sin laminación	+	+	+++	-	+++	+	+
IV	Áreas urbanas	Sin laminación	-	+	+	+++	++	-	-
V	Húmedo, zonas de salpicadura	Laminación discontinua	-	+	+/-	+/-	++	-	+

En negrita se indican los valores que destacan y caracterizan a cada tipo de barniz. Tabla modificada de Macholdt et al., 2017.

2.3.3.1 Tipo I

Se localizan en regiones desérticas áridas y muestran estructuras de grano fino laminadas con partículas de polvo mineral de entre 1 a 10 nm. Siempre, y de manera clara, en este barniz se observa que se alternan capas de arcillas ricas en Mn y Fe de manera paralela a las laminaciones en la superficie de la roca huésped, pudiendo reflejar fluctuaciones de gran interés para estudios paleoclimáticos (Dorn, 1990). Junto con la observación de las capas alternadas ricas en Mn y Fe, se observan diferentes tipos de grano mineral con distinta composición elemental, probablemente debido al transporte de polvo por el viento y que ha quedado erosionado y embebido en la matriz del barniz.

Se observa una correlación positiva entre la fracción de masa de Ce con la fracción de masa del Mn y todas las muestras poseen una anomalía positiva de Ce ($Ce/Ce^* = 1,5-3,8$).

También poseen una alta cantidad de elementos de tierras raras (REEs), el cual está más enriquecido con respecto al material polvoriento que se puede recolectar en los alrededores, así como una alta fracción de masa del elemento Ba, todas ellas claras señas de identidad de este tipo de barniz.

2.3.3.2 Tipo II

Como el tipo I, también se encuentran en ambientes desérticos áridos y en ambientes semiáridos con grandes áreas ricas en hierro. No se detectan estructuras definidas en capa a diferencia del barniz tipo I y el espesor del revestimiento es por lo general más grande.

Químicamente pueden diferenciarse del tipo I comparando las abundancias de Ce y Mn, cuyos valores se dispersan más. La composición de elementos es similar al tipo I pero difiere en mayores cantidades de Co, Cu y menores de Cr.

La fuerte correlación positiva existente entre el Ce y el Mn, los altos valores en enriquecimiento de Ce y la presencia de partículas más grandes en la matriz que las de tipo I indica que algunas tienen una tasa de crecimiento más rápida que los barnices de tipo I.

2.3.3.3 Tipo III

Como el tipo I, se pueden encontrar en regiones áridas y como el tipo II, también en áreas semiáridas. Se ha argumentado que la presencia de grandes cantidades de minerales de Mn botroidal depositado es el resultado producido por cambios en la estructura mineral a lo largo del tiempo (Macholdt et al., 2015).

Las zonas de las rocas con mayor abundancia de barniz muestran un tapiz botroidal enriquecido en Mn y Ca. Se observa una gran cantidad de birnesita hexagonal, quizá indicando una génesis biológica, junto a una más reciente formación respecto a los barnices de tipo I o II.

Poseen altas fracciones de Mn y valores bajos de Pb y Ba. Se distinguen de los barnices tipo I, II y V comparando los cocientes Al/Ni vs. Mn/Ba, Mn/REY vs. Mn/Ba y se puede distinguir del tipo IV comparando el Mn vs. Pb y un bajo enriquecimiento de REEs con respecto al polvo del suelo adyacente.

2.3.3.4 Tipo IV

Son recolectados en regiones con influencia urbana significativa. Muestra una estructura diferente a otros tipos de barniz, con una alta tasa de crecimiento posiblemente debido a que su origen es por una influencia indirecta antrópica a diferencia de los otros tipos de barnices.

Algunas de las muestras analizadas reflejan que su barniz es grueso encajonado por una matriz rica de Mn con una estructura botroidal. Se observa en el SEM una cierta estratificación pero que no llega a formar capas laminadas bien definidas como en el Tipo I.

A pesar de que la composición química particular puede variar según la zona recolectada, muestran unas cantidades de Pb que se sitúan significativamente por encima de los otros tipos de barnices (0,2-1,4%). Pueden distinguirse de los barnices de tipo I y II comparando el Ce vs. Mn y de los barnices tipo III y V por la comparación entre el Pb y el Mn.

2.3.3.5 Tipo V

Este barniz está influido por ambientes hídricos, en zonas donde puede incidir el agua sobre la roca (salpicaduras en márgenes de ríos, cataratas...). El revestimiento de roca descrito por von Humboldt (Humboldt, 1852) pertenece a este tipo de barniz, aunque es de los menos estudiados en la literatura científica.

Su color puede variar desde negro a marrón claro según la cantidad de hierro y manganeso presente en el barniz, el cual puede ser muy variable. Probablemente la alta variabilidad de los barnices tipo V es debido a que la fuente de los elementos del barniz está en el agua del río en el que se asienta por lo que es asumible pensar que en su formación y desarrollo juega un papel muy importante la hidrología del sistema.

Esa gran heterogeneidad hace que la comparativa entre diversos elementos no la ubiquen de manera consistente como un tipo concreto a diferencia de los otros tipos de barniz, siendo incluidos en este grupo por exclusión respecto a los otros tipos de barniz.

Las comparaciones de los cocientes de Al/Ni vs. Mn/Ba y de los cocientes Mn/REY vs. Mn/Ba los sitúan como barnices intermedios entre los tipos I y II vs. los tipos III y IV, aunque dadas las peculiaridades de este tipo de barniz de roca, puede llevar a confusión y englobarse una muestra como otro tipo de barniz teniendo en cuenta únicamente los cocientes de los elementos. La comparación entre Pb y Mn es la única que permite, por exclusión, determinar que un barniz de roca puede ser de tipo V y no de tipo IV, al igual que sucede al comparar el barniz tipo IV contra el tipo I, II y III por su contenido de Pb y Mn.

Pueden observarse capas laminares discontinuas de Mn, Fe y Ca en el SEM aunque esta característica está en discusión pues no sucede con todas las muestras catalogadas como tipo V. Algunos elementos químicos como el Co, Th, V, Cs, Rb o Ti pueden encontrarse subenriquecidos, al tener valores que se encuentran significativamente por debajo de las cantidades que pueden encontrarse en la corteza continental superior y en otros tipos de barnices de roca.

2.4 Río Tinto

Río Tinto se ubica en Huelva, Andalucía. Nace en Peña de Hierro, en pleno corazón de la Faja Ibérica Pirítica (IPB), una entidad geológica localizada en la zona sur oeste de la península Ibérica (figura 2).

Es un ambiente natural extremo inusual debido a su acidez ($\text{pH} \approx 2,3$), longitud (≈ 92 km), alta concentración de metales pesados ($[\text{Fe}] > 20$ g/l) y con una gran diversidad microbiana, siendo considerado un excelente análogo geoquímico y mineralógico de Marte (Fernández-Remolar et al., 2005; Amils et al., 2014).

El clima de la zona por donde transcurre el río es mediterráneo cálido con una temperatura promedio de $+17$ °C y una precipitación media anual de 45 mm, con un periodo seco que abarca de Mayo a Septiembre y otro húmedo de Octubre a Marzo, lo que le proporciona una clasificación climática Csa en la escala de Köppen-Geiger (<https://es.climate-data.org/europe/espana/andalucia/minas-de-riotinto-564382/>). Al no ser las precipitaciones en la zona constantes, la evaporación estacional de agua conduce a la formación de jarosita y schwertmanita, lo que provoca que el pH del río se mantenga constante debido al efecto tampón del ión férrico en solución (Fernández-Remolar et al., 2003; Amils et al., 2014).

La IPB donde transcurre la cuenca del río posee una extensión de 250 km de longitud y 70 kilómetros de ancho (figura 2), formada por la acción hidrotermal durante la orogénesis Herciniana (Fernández-Remolar et al., 2003) siendo uno de los mayores depósitos de sulfuros metálicos conocidos en el mundo y explotado por los seres humanos desde hace más de 5000 años (LeBlanc et al., 2000).

Compuesto principalmente por piritita y calcopiritita (Tornos, 2006), la disolución de estos minerales debido a la actividad microbiana existente de biopelículas activas en el subsuelo de la IPB es la causante de la presencia de la elevada concentración de hierro que se observa en la cuenca del Río Tinto (Escudero et al., 2018; Escudero, tesis 2018).

2.4.1 Sistema acuático

El sistema acuático del Río Tinto es el más simple microbiológicamente (figura 3), algo razonable teniendo en cuenta que el flujo del río promueve la homogeneidad en el sistema. El 80% de la diversidad procariota presente en la columna de agua lo componen principalmente tres géneros de microorganismos del dominio Bacteria y que son miembros del ciclo del hierro: *Acidithiobacillus*, *Leptospirillum* y *Acidiphilium*.

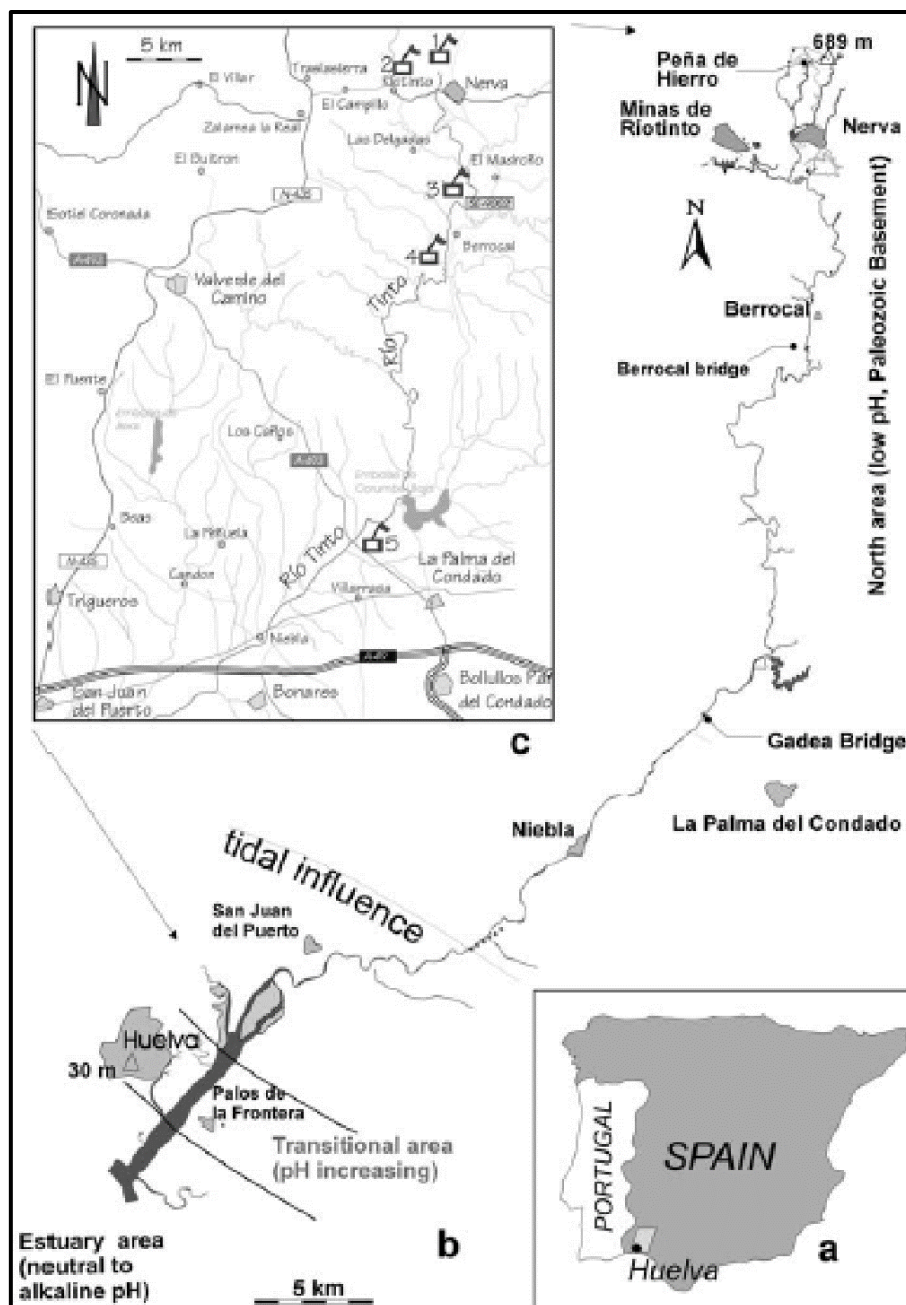


Figura 2: Cartografía geográfica de la cuenca de río Tinto. A) Ubicación general del río en la península Ibérica. B) Dominios en la cuenca del río: la zona norte, el área de transición y el área estuaria. C) Mapa detallado de la zona norte. Los puntos indicados del 1 al 5 corresponden a ubicaciones habituales de muestreo en investigaciones realizadas en la cuenca del río: 1) origen del río (Peña de Hierro); 2) Alto de la Mesa; 3) las Zarandas; 4) Berrocal; 5) La Palma del Condado. Imagen y texto de Fernández-Remolar et al., 2003.

Acidithiobacillus es capaz de oxidar el hierro aeróbiamente (al igual que *Leptospirillum*) o bien reducirlo en condiciones anaerobias, acoplándolo a la oxidación de azufre. *Acidiphilium* puede utilizar el ión férrico como aceptor final de electrones de la cadena respiratoria impulsada por la degradación de materia orgánica. Otros microorganismos como *Ferroplasma*, *Acidobacterium* o

Metallibacterium también han sido identificados pero su bajo número sugiere que juegan un papel secundario en el ciclo del hierro en la columna de agua (Amils et al., 2014).

El ciclo del azufre también está presente en la columna de agua (figura 3), el cual está principalmente gobernado por miembros del género *Acidithiobacillus* junto con bacterias sulfatoredutoras que se encuentran en menor cantidad (González-Toril, tesis 2002; González-Toril et al., 2003).

También es posible identificar microorganismos englobados en distintos phyla: Actinobacteria (orden Acidimicrobiales), Chloroflexi, Acidobacteria o Firmicutes, pero no son tan abundantes en el sistema (Santofimia et al., 2013).

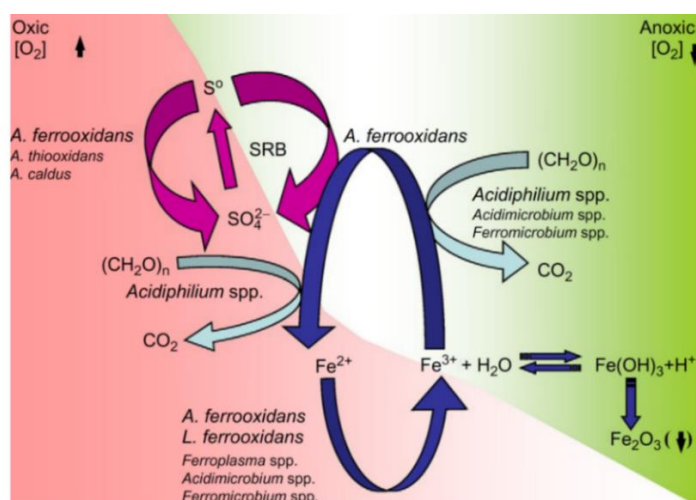


Figura 3: Modelo geomicrobiológico del ciclo del Fe, S y C en la columna de agua de río Tinto. Extraído de González-Toril et al., 2003.

2.4.2 Sedimentos

La complejidad microbiana que se observa en los sedimentos es mayor que en la columna de agua, con una mayor densidad celular y riqueza en diversidad debido a la estratificación geoquímica (figura 4), lo que permite el desarrollo de comunidades microbianas diferentes en distintos lugares de la cuenca del río (Sánchez-Andrea et al., 2011; García-Moyano et al., 2012) con una gran importancia de los microorganismos reductores del sulfato o microorganismos formadores de biofilms como *Metallibacterium* (Ziegler et al., 2013; Amils et al., 2014); con algo menos de abundancia del metabolismo desnitrificante, productoras de hidrógeno (Firmicutes) y *Acidithiobacillus* que controla el ciclo del hierro y forma parte del ciclo del azufre en el sedimento (Sánchez-Andrea et al., 2011; Sánchez-Andrea et al., 2012).

También se ha descrito la presencia de actividad metanogénica (Sanz et al., 2011) aunque la abundancia del dominio Archaea encontrada es bastante baja,

y restringida a dos géneros principales que no son metanogénicos (Sánchez-Andrea et al., 2012): *Ferroplasma*, un acidófilo oxidador de Fe (II) (Golyshina et al., 2000) y *Thermoplasma*, un termoacidófilo heterótrofo (Ruepp et al., 2000).

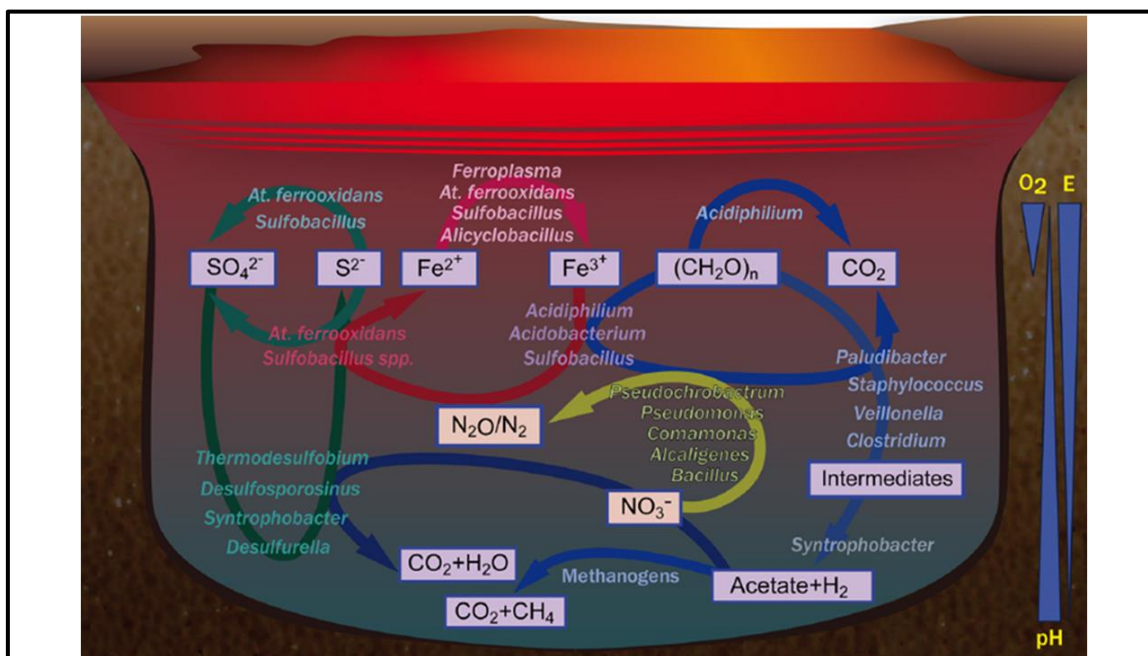


Figura 4: Modelo geomicrobiológico de los sedimentos de Río Tinto. Se indican los microorganismos implicados en el ciclo del Fe, S, C y N. Extraído de Sánchez-Andrea et al., 2011.

2.4.3 Subsuelo

Es un ambiente oligotrófico que destaca por su oscuridad permanente y anaerobiosis, y se mantiene mediante procesos con un bajo rendimiento energético, en el que la coexistencia de diferentes actividades microbiológicas en los biofilms lixiviando el sustrato mineral en el que se asientan es la base que sustenta a estas comunidades microbianas (figura 5; Escudero et al., 2018; Escudero, tesis 2018).

La diversidad de microorganismos en este ambiente es, como en la columna de agua y los sedimentos, mucho mayor que de Archaea, algo que ha sido corroborado tanto por secuenciación clásica de Sanger como por secuenciación masiva, por microarrays de oligonucleótidos, cultivos de enriquecimiento e hibridación *in situ*, estando ampliamente distribuidas las Proteobacterias, los Firmicutes y las Actinobacterias (Puente-Sánchez et al., 2016; Escudero et al., 2018; Escudero, tesis 2018). También se han encontrado otros grupos de microorganismos pertenecientes a los phyla Acidobacteria y Chloroflexi, siendo un ambiente con una gran diversidad microbiana y metabólica (figura 5; Escudero, tesis 2018).

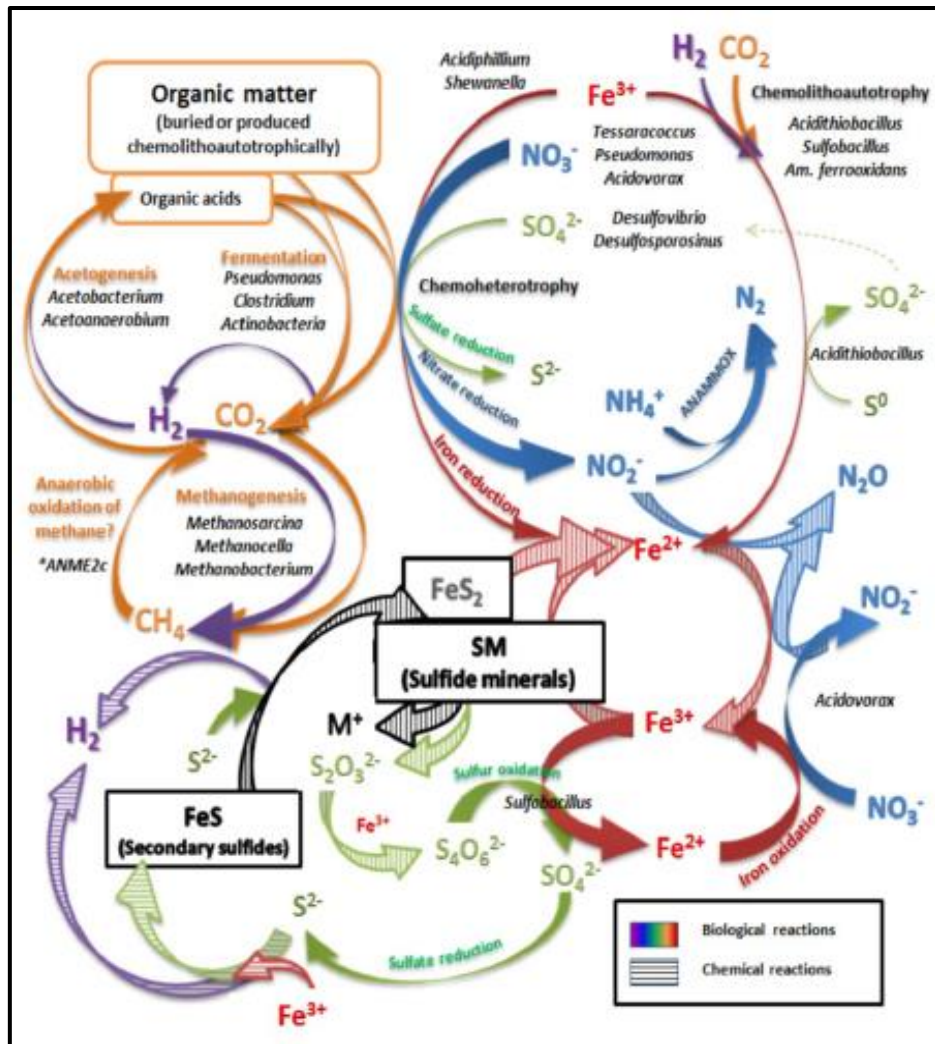


Figura 5: Modelo propuesto del ciclo geomicrobiológico del subsuelo de la IPB. Los diferentes colores hacen referencia a los ciclos del Fe, S, C y N. La actividad de los microorganismos lixivando la pirita es la causante en última instancia de las características fisicoquímicas observadas en el río. Extraído de Escudero, tesis 2018.

3 OBJETIVOS

Los barnices de roca y las películas de hierro son dos tipos de revestimientos de roca que contienen micronichos de gran interés científico por su carácter altamente oxidante y ciclos biogeoquímicos que se desarrollan a pequeña escala en su superficie, revelando la gran complejidad de interacciones existentes entre la litosfera, la biosfera, la atmósfera y la hidrosfera.

El objetivo de esta tesis ha sido la caracterización de distintos revestimientos de roca identificados a lo largo del cauce del Río Tinto utilizando distintas metodologías complementarias con el fin de averiguar si corresponden a barnices de roca, lo que supondría la descripción y caracterización microbiológica del primer barniz de roca en un ambiente ácido extremo. Para observar el flujo de trabajo realizado en esta tesis, consultar la figura 10 (apartado 4.5.6).

Los objetivos específicos desarrollados han sido los siguientes:

- Caracterización fisicoquímica de las muestras de revestimientos de roca recolectadas en la cuenca de río Tinto en diferentes ubicaciones.
- Estudio de la diversidad y parámetros ecológicos de los diferentes taxones microbianos presentes en las comunidades microbianas de las muestras seleccionadas mediante la utilización de diferentes metodologías de ecología molecular
- Diseño de cultivos de enriquecimiento para aislar, caracterizar y confirmar las poblaciones microbianas de las muestras de roca
- Identificar las asociaciones de microorganismos y/o grupos de microorganismos con las distintas especies minerales en los distintos revestimientos seleccionados
- Identificar las similitudes y diferencias de los revestimientos estudiados con la columna de agua, los sedimentos y el subsuelo de la cuenca del Tinto.
- Clasificar e identificar similitudes y diferencias con revestimientos de roca encontrados en otros ambientes
- Establecer una hipótesis general del modelo geomicrobiológico de la formación, desarrollo y funcionamiento de las comunidades microbianas presentes en los revestimientos de roca estudiados

4 MATERIAL Y MÉTODOS

4.1 Áreas de muestreo

Un total de ocho muestras fueron seleccionadas en dos localizaciones diferentes en la cuenca de río Tinto, tres en el área del Origen, en la sierra del Padre Caro ($37^{\circ} 43' 19,5''$ N; $6^{\circ} 33' 04,3''$ W) y cinco en la zona correspondiente al municipio de Berrocal ($37^{\circ} 35' 37,1''$ N; $6^{\circ} 33' 04,7''$ W), recogidas y almacenadas en esterilidad. Su manipulación posterior en el laboratorio se realizó en campana de flujo laminar con herramientas estériles.

4.1.1 Zona Origen

Se recogieron dos muestras de una misma unidad litoestratigráfica, la cual variaba en color gradualmente, siendo en su base cercana a la zona de contacto con el cauce del río de un color amarillento, pasando gradualmente a un color rojizo en la parte superior de la columna (figura 6-A). Las muestras fueron denominadas “**Amarilla**” y “**Roja**”, y posteriormente se renombraron como “**Mag**” y “**Hem**” respectivamente. También se recogió una roca situada en los alrededores a la zona mencionada (figura 6-B), recubierta con un llamativo color rojo brillante, denominada inicialmente “**3**” y posteriormente “**Ror**”.

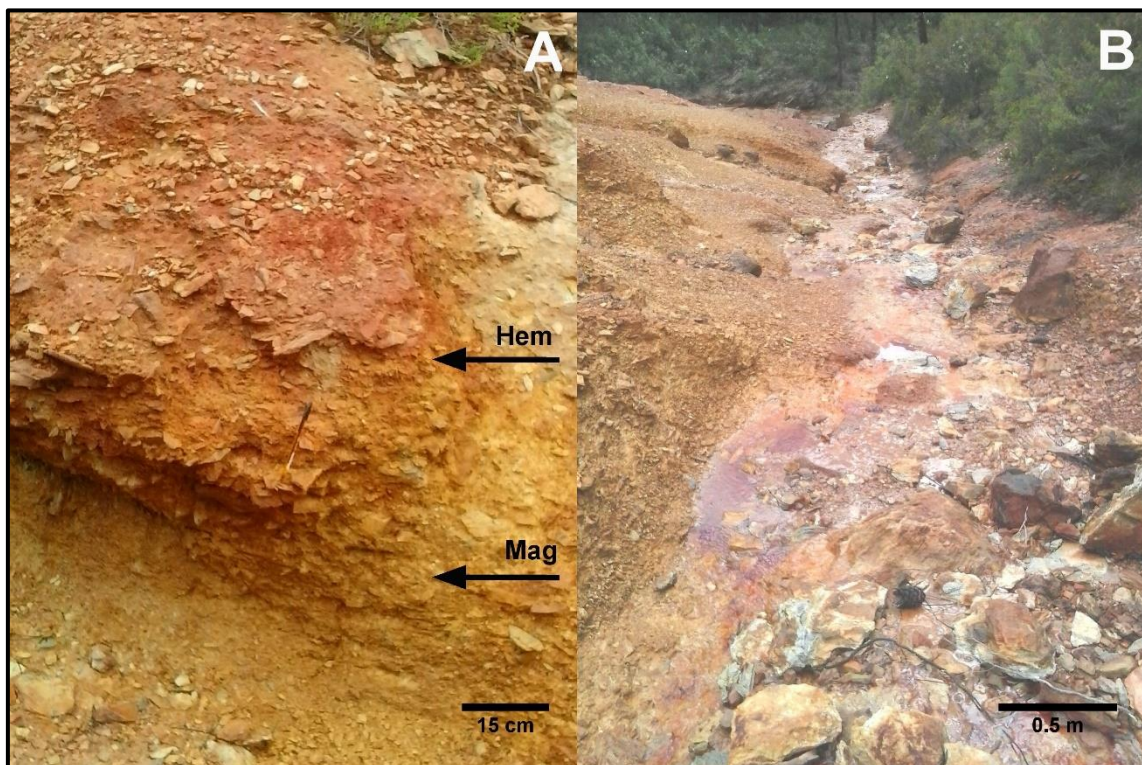


Figura 6: Muestreo en la zona del Origen. A) Unidad litoestratigráfica (Hem y Mag); B) Alrededores del área en la que se ubica la unidad litoestratigráfica.

4.1.2 Zona Berrocal

Se observó que la cuenca del Río Tinto en Berrocal tiene una gran cantidad de cantos rodados producto de la erosión por el transporte del río. Muchos de ellos, como se observa en la figura 7, poseen una llamativa cobertura de color marrón oscuro sobre la base de color grisáceo claro de la roca madre en la que se deposita.

Se recogieron tres muestras de sedimentos del río, denominadas **Berr1**, **Berr2** y **Berr3** (denominadas colectivamente como **Berr¹**), recogida a unos 5, 10-15 y 15-20 cm del margen de la orilla del río respectivamente (figura 8).



Figura 7: Ubicación aproximada de la zona de muestreo en Berrocal. A la derecha puede observarse el cauce del río y a la izquierda las rocas depositadas en los márgenes de éste erosionadas por la acción del río. Imagen cortesía de Felipe Gómez.

También se tomó una roca con esa cobertura, situada a unos 15-20 metros del margen del río donde se recogió el sedimento, denominada “**P1**” (figura 7 y 9). Posteriormente en el laboratorio se procedió a separar la cobertura de color marrón respecto de la parte interna, resultando dos muestras denominadas

¹ Cada vez que se nombre una muestra se remarcará en el texto en **negrita**.

“P1Ext” y “P1Int”, así como una tercera muestra denominada “P1Mix” (figura 9) correspondiente al material no diferenciado entre la cobertura y la parte interna. Las muestras P1Int y P1Mix se utilizaron únicamente para los análisis mineralógicos y de composición elemental para determinar posibles diferencias con la muestra P1Ext. Para el resto de los análisis, se utilizó P1Ext, al cual se le ha denominado genéricamente P1 para simplificar.

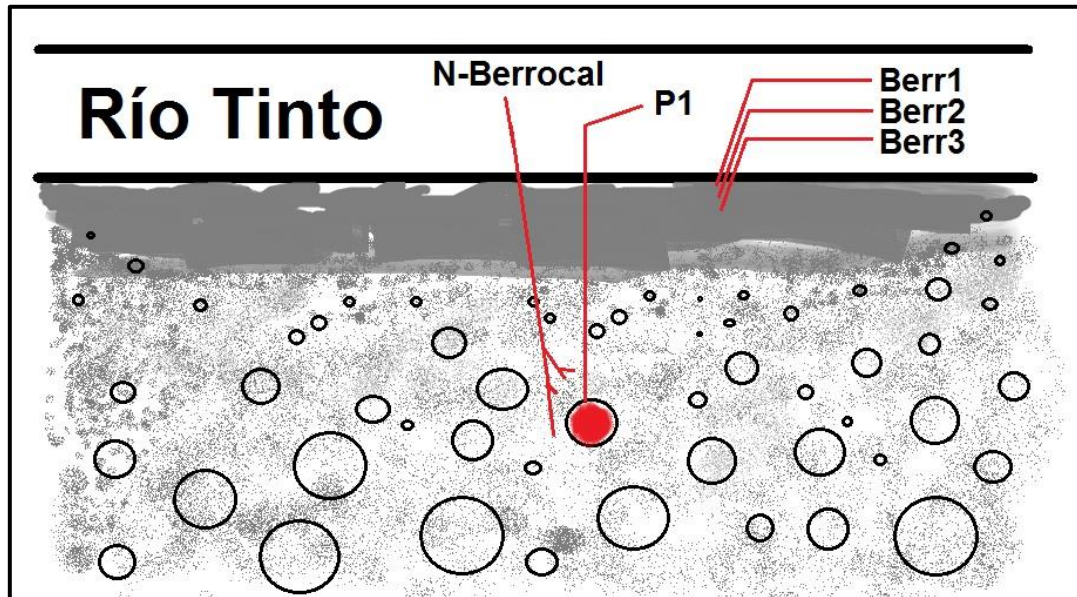


Figura 8: Representación de la ubicación de las muestras recogidas en la zona de Berrocal en el margen y en la cuenca del cauce del río. Los círculos negros representan las rocas y en rojo se representa el revestimiento sobre la roca.

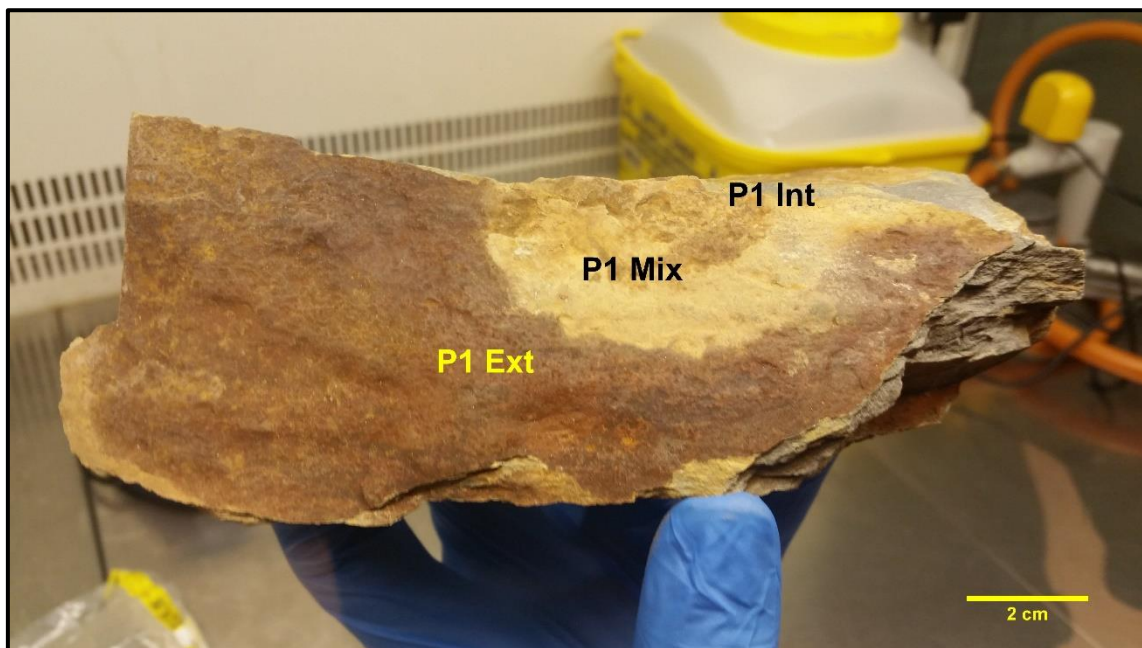


Figura 9: Muestra P1 recogida en Berrocal. En la imagen se indica de donde proceden las tres muestras obtenidas del procesado de P1.

También se recogieron en los alrededores del muestra **P1** pequeños cantos redondeados que aparentemente no tenían recubrimiento. A dicha muestra se la denominó “**N-Berrocal**” (figura 7-8), y se analizó mineralógicamente y por composición elemental con el fin de determinar si había diferencias con **P1**.

4.2 Caracterización mineralógica y de elementos químicos

Las muestras fueron analizadas para determinar su composición química y mineralógica mediante diferentes técnicas:

4.2.1 Difracción de rayos X (XRD)

El material a analizar fue finamente molido con un mortero mecánico PULVERISETTE-2 de la casa comercial FRITSCH. En el caso de las muestras de sedimentos de la zona de Berrocal, dado su gran componente hídrico, se procedió previamente a secarlos durante una semana en una estufa a 40°C.

Los análisis de las muestras se realizaron en el centro de Astrobiología en un difractómetro de rayos X de polvo de la marca Seifert, modelo 3003 TT. La radiación que emite el equipo para el análisis es producida por un tubo de Cobre con radiación $\lambda = 1,5405 \text{ \AA}$, estando equipado con un monocromador secundario de grafito para la eliminación de la radiación de fluorescencia de fondo y de la radiación $K\beta$, junto con un detector de centelleo que posee un límite de detección entorno al 1% que permite identificar a un mineral si está en forma cristalina y al menos en un 1% de abundancia. El generador de rayos X se utilizó a un voltaje de aceleración de 40 kV y la emisión del filamento a 40 mA, siendo las muestras escaneadas secuencialmente entre 5° y 60° utilizándose un paso de 0,1° cada 2 s.

4.2.2 Espectrometría de masas por plasma acoplado inductivamente (ICP-MS)

La Espectrometría de Masas con Plasma Acoplado Inductivamente (ICP-MS) es una técnica de análisis químico inorgánico elemental e isotópico capaz de determinar tanto cuantitativa como cualitativamente la mayoría de elementos de la tabla periódica en muestras líquidas o sólidas previo a un tratamiento de digestión, que en el caso de nuestras muestras se realizó mediante microondas de alta presión y temperatura en el Centro de Astrobiología. De las muestras pulverizadas se tomaron fracciones para el posterior análisis de los elementos presentes por ICP-MS, siendo las cantidades utilizadas en promedio de unos 270 mg.

Cada muestra a digerir para el análisis junto con un blanco comercial se le adicionó 6 ml de HNO₃, 3 ml de HF, 1 ml de HCl y 1 ml de H₂O₂ procedente de la casa comercial Merck.

La digestión por microondas se realizó utilizando un equipo Ethos Touch Control Screen de Milestone con vasos de alta presión y temperatura que soportan hasta 100 bares de presión, realizando una digestión a una temperatura de 220°C. Posteriormente las muestras se enrasaron en matraces aforados a 100 ml con agua ultrapura suministrada por un equipo dispensador de agua Milli Q.

El procedimiento analítico seguido fue el siguiente: primero el análisis del blanco, seguido de un estándar externo multielemental que contiene 47 elementos que cubren todo el rango de masas, las distintas muestras y, por último, un estándar de control de la deriva instrumental y posible efecto memoria del aparato con tal de garantizar la mayor precisión posible en el análisis. Los componentes y parámetros destacados del ICP-MS utilizado se muestran en la tabla 6.

Tabla 6: Componentes y parámetros destacados del ICP-MS utilizado

Componente / Parámetro	Tipo / valor utilizado
Nebulizador	MEINHARD® pluss Glass Type C
Spray Chamber	Ciclónica a 5°C
Conos Sampler y skimmer	Níquel
Velocidad de aspiración de la muestra	350 µL/min
RF Power	1600 W
Inyector	2.0 mm, diámetro interno de cuarzo
Tiempo de permanencia	50 s
Scan Mode	Peak hopping
Mixing Tee	On-line addition of internal standard
KED Helium mode	4 l/min

4.3 Microscopía electrónica de barrido (SEM)

Para las observaciones en el SEM se procedió a recubrir con oro las muestras en un metalizador Bio-Rad SC502 y se analizaron en el centro de Astrobiología en un microscopio electrónico JEOL JSM 5600 LV con un sistema de lentes compuesto por un condensador de 2 etapas electromagnético y un objetivo de hasta 3 nm de resolución. Se aplicó un voltaje de aceleración de 20 kV y una distancia de trabajo 20 nm. La composición de elementos cuantitativos en regiones de interés se determinó por un microanálisis EDX, utilizándose un visor INCAx con un detector Si-Li (Oxford, Inglaterra), capaz de detectar elementos ligeros como C u O. Los datos numéricos cuantitativos son referenciados por defecto como el pico más alto obtenido de cada espectro. La visualización del microanálisis se realizó con el software INCA v.3.04.

4.4 Análisis geoquímico: ^{13}C y ^{15}N

Para determinar la cantidad de materia orgánica y nitrógeno en las muestras de **Hem**, **Mag** y **P1** se midieron los isótopos estables de carbono orgánico ($\delta^{13}\text{C}$) y nitrógeno total ($\delta^{15}\text{N}$) por espectrometría de masas isotoperatio (IRMS), siguiendo los métodos del USGS (Révész et al., 2012).

Aproximadamente 1 g de muestra se homogeneizó con un mortero; posteriormente se añadió HCl para eliminar los carbonatos durante 24 h y se ajustó el pH a 7. Posteriormente el residuo obtenido se secó a una temperatura de 50°C durante 72 h. y se analizó en el IRMS del Centro de Astrobiología (MAT 253, ThermoFisher) usando tres estándares (USGS41, IAEA-600 y USGS40).

El contenido del total de carbono orgánico (TOC%) y nitrógeno total (TN%) se midió con un analizador elemental (HT Flash, ThermoFisher), siguiendo el procedimiento que se describe en Sánchez-García et al., 2019.

Para observar y comparar el cociente de los elementos con respecto a la UCC, se utilizaron los datos de Rudnick de 1995 (Rudnick and Fountain, 1995), por la razón de que han sido utilizados en otros estudios de revestimientos de roca y los datos posteriores publicados (Rudnick and Gao, 2003) no reflejan diferencias significativas en los valores de la UCC.

4.5 Caracterización biológica

Se aplicaron diferentes técnicas microbiológicas con tal de describir y caracterizar las comunidades microbianas presentes en las muestras de sedimentos (**Berr**) y **P1** de Berrocal y las muestras **Hem**, **Mag** y **Ror** de la zona del Origen.

4.5.1 Extracción de ADN. Métodos de extracción y optimización

En este trabajo se han comparado cuatro métodos distintos de extracción de ADN que se han aplicado a las muestras **Hem** y **Mag** con el fin de evaluar su rendimiento: el clásico protocolo del Fenol-Cloroformo-Alcohol isoamílico (Stulnig and Amberger, 1994); tampón XS (Moissl-Eichinger, 2011); PowerSoil DNA Isolation Kit (ThermoFisher; 12888-50 o 12888-100) y un tratamiento con P/EtOH previo a la utilización del PowerSoil DNA Isolation Kit, una modificación propuesta para muestras terrestres análogas de Marte (Direito et al., 2012).

4.5.2 Análisis del ADN

La concentración de ADN se midió con un NanoDrop One (ThermoFisher, ND-ONE). Para los geles de electroforesis, 0,5 g se disolvieron en 50 ml de tampón TAE 1x, procedente de una solución stock 50x quedando a una concentración final de un 1%, calentándose 45 s a unos 800 W. Se aplicó un campo eléctrico constante de 80 V durante 45 minutos. Para identificar el tamaño de las bandas, se utilizó un marcador de pesos moleculares (O'Gene Ruler 1 kb DNA Ladder, ThermoFisher, SM1163). El revelado del ADN en el gel se hizo con SyberGold (ThermoFisher, S11494) durante 45 minutos.

4.5.3 Amplificación cuantitativa del ADN (qPCR)

La PCR cuantitativa se realizó en un termobloque de Biorad CFX96 en la Medical University de Graz (Austria). Para la reacción de amplificación de ADN de las muestras se utilizó el kit TaqMan Life Tech Gene Expression MM (tabla 7), el cual consiste en un mastermix, un par de cebadores de PCR específicos de Bacteria (331F y 797R) y una sonda específica para Bacteria que emite una señal de fluorescencia que mide el aparato. Las condiciones de la reacción se muestran en la tabla 8.

Las muestras junto con un control negativo y siete estándares con diferentes concentraciones de ADN procedente de *Escherichia coli*, cepa K12 (tabla 24, apéndice E) fueron utilizadas para determinar la cantidad de ADN real presente amplificada en las muestras y como control se realizó cada qPCR por triplicado con el fin de verificar el correcto funcionamiento de la reacción. Los archivos de salida generados fueron analizados y visualizados con el software LinReg qPCR² (Ruijter et al., 2009).

² El software LinReg puede ser descargado gratuitamente en <http://download.gene-quantification.info/>.

Tabla 7: Reactivos utilizados para la qPCR

Componente	Volumen (Total= 10 ul)	Concentración final
Sso Advanced Universal Mastermix	5 ul	1X
10 uM Foward cebador 331F	0,8 ul	0,8 µM
10 uM Reverse cebador 797R	0,8 ul	0,8 µM
10 uM Sonda HEX – Bacteria	0.2 ul	0,2 µM
DNA molde	1 ul	-

Tabla 8: Condiciones de la reacción de amplificación de la qPCR especificada por la casa comercial

Paso		Temperatura	Tiempo
Desnaturalización inicial		95 °C	3 min
40 Ciclos de repetición	Desnaturalización	95 °C	3 s
	Anillado	60 °C	30 s
Mantenimiento		4 °C	Indefinidamente

4.5.4 Amplificación del ADN (PCR)

Se utilizaron dos kits para amplificar el ADN de las muestras. Para las muestras secuenciadas por el método de Sanger (**Berr**, **Ror**, **Hem** y **Mag**) se utilizó el kit de Invitrogen Platinum Taq DNA Polymerase (ThermoFisher, 10966034). Para las muestras secuenciadas por Illumina Mi-Seq (**P1**, **Hem**, **Mag** y cultivos de enriquecimiento) se utilizó el kit TaKaRa PCR Amplification Kit (número de catálogo: R011). Los componentes del kit de Invitrogen y las condiciones de amplificación de la PCR se muestran en las tablas 9 y 10; en las tablas 11 y 12 se muestran los componentes de la PCR y las condiciones de amplificación del kit TaKaRa.

Para la amplificación del ADN se utilizaron diferentes cebadores con una especificidad dada (tabla 13) que fueron utilizados en función de su grado de especificidad y el tipo de secuenciación posterior a realizar.

Como control para las PCR, se utilizó ADN procedente de un cultivo de *Escherichia coli* (cepa Hfr) con una concentración de 15,8 ng/ul.

Para la PCR con cebadores específicos de Cyanobacteria (Nübel et al., 1997) se utilizó como control positivo el ADN extraído de la cianobacteria planctónica *Microcystis aeruginosa* (cepa UAM-265) con una concentración de 50,8 ng/ul. Como control negativo complementario, se realizó una reacción de PCR usando el ADN de *Escherichia coli* comentado anteriormente.

Tabla 9: Componentes del kit de amplificación de ADN de Invitrogen

Componente	Volumen (Total= 25 ul)*	Concentración final
10X Buffer PCR, - Mg	2,5 ul	1X
50 mM MgCl ₂	0,75 ul	1,5 mM
10 mM dNTP mix	0,5 ul	0,2 mM cada dNTP
10 uM cebador forward	0,5 ul	0,2 µM
10 uM cebador reverse	0,5 ul	0,2 µM
Template	0,5 ul	-
Platinum Taq DNA pol	0,1 ul	1 U

* Agua-PCR hasta completar el volumen de 25 ul.

Tabla 10: Condiciones de amplificación utilizando el kit de Invitrogen (para la posterior secuenciación con Sanger)

Paso		Temperatura	Tiempo
Desnaturalización inicial		94°C	2 min
35 Ciclos de repetición	Desnaturalización	94°C	30 s
	Anillado	*	30 s
	Extensión	72°C	1 min por kb
Extensión final		72°C	5 min
Mantenimiento		4°C	Indefinidamente

* La temperatura de anillado varió en función de los cebadores utilizados. Se utilizó una temperatura de 55°C para las diferentes reacciones, excepto para la segunda y tercera PCR de la muestra **Mag** en las que se utilizó una menor temperatura de anillado: 52,7 y 51,5°C respectivamente.

Tabla 11: Componentes del kit de amplificación de ADN TaKaRa

Componente	Volumen (Total= 30 ul)*	Concentración final
10X Buffer PCR, + Mg	3 ul	1X
20 mg/ml BSA	1,5 ul	1 mg/ml
10 mM dNTP mix	2,4 ul	0,2 mM cada dNTP
10 uM cebador forward	0,9 ul	3 µM
10 uM cebador reverse	0,9 ul	3 µM
Template	0,5 ul	-
ExTaq Polymerasa	0,1 ul	1 U

* Agua-PCR hasta completar el volumen de 30 ul.

Tabla 12: Condiciones de amplificación utilizando el kit de Invitrogen (para la posterior secuenciación por Illumina)

Paso		Temperatura	Tiempo
Desnaturalización inicial		94°C	3 min
35 Ciclos de repetición	Desnaturalización	94°C	45 s
	Anillado	50°C	1 min
	Extensión	72°C	1,5 min
Extensión final		72°C	10 min
Mantenimiento		4°C	Indefinidamente

Tabla 13: Cebadores utilizados en las diferentes PCR realizadas

Nombre	Secuencia (5' → 3')	Secuenciación / Especificidad*	Referencia
Arq3F	TTCCGGTTGATCCTGCCGGA	Sanger / A	Giovannoni et al., 1988
Bac27F	AGAGTTTGATCMTGGCTCAG	Sanger / B	Lane, 1991
Cya359F	GGGGGATYTTCCGCAATGGG	Sanger / Cy	Nübel et al., 1997
U515F	GTGYCAGCMGCCGCGGTAA	Illumina / U	Parada et al., 2016

U806R	GGACTACNVGGGTWTCTAAT	Illumina / U	Apprill et al., 2015
Cya781R (a)**	GACTACTGGGGTATCTAATCCCATT	Sanger / Cy	Nübel et al., 1997
Cya781R (b)**	GACTACAGGGGTATCTAATCCCTTT	Sanger / Cy	Nübel et al., 1997
1492R	TACGGYTACCTTGTTACGACTT	Sanger / U	Lane, 1991

* A= Arquea; B= Bacteria; Cy=Cyanobacteria; U= Bacteria y Arquea (universal para procariotas)

** Mezclados equimolarmente

4.5.5 Clonaje, secuenciación Sanger y tratamiento bioinformático

Los productos de la PCR secuenciados por Sanger fueron ligados a un vector de clonación pCR4-TOPO TA (ThermoFisher, 450071) y transformados con el producto de ligación de células químicamente competentes de *Escherichia coli* One Shot TOP10 (Invitrogen, C404010). El ADN plasmídico de las células transformadas se extrajo con el robot Ep Motion 5075 Vac de Eppendorf en el servicio de secuenciación del centro de Astrobiología. El protocolo de ligación y transformación utilizado en el laboratorio puede consultarse en el apéndice B.

Para comprobar la presencia del producto de PCR en el vector, se comprobó en un 15% de los pocillos mediante la digestión enzimática de una alícuota de 5 µl utilizando 0,25 µl de la enzima de restricción Eco RI (Roche, número de catálogo: 11175084001) y 5 µl de su buffer H.

Una vez realizadas las comprobaciones de los pocillos, el ADN plasmídico se secuenció en el Centro de Astrobiología con un secuenciador ABI 3730 de 48 capilares de Applied Biosystem, utilizando el kit de secuenciación Big Dye Terminator v.3.1 (ThermoFisher, 4337455) durante 35 ciclos de 96°C (10 s), 55°C (5 s), 60°C (4 min) y mantenimiento a 4°C, utilizando los cebadores M13 Forward y M13 Reverse proporcionados por el kit TOPO TA Cloning (ThermoFisher, 450071).

Una vez obtenidas las lecturas en las dos direcciones, fueron procesadas bioinformáticamente para obtener la secuencia final ensamblada mediante los programas PreGap4 y Gap4 del paquete bioinformático Staden (Staden, 1996) con una estimación de la precisión de la base de manera logarítmica y cuyos valores de los parámetros utilizados en PreGap4 se muestran en la tabla 14.

La ausencia en las lecturas ensambladas de fragmentos del vector de clonación se verificó utilizando la herramienta online del NCBI VecScreen (<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/tools/vecsreen/>).

Tabla 14: Valores de los parámetros de eliminación del vector, regiones de baja calidad y ensamblaje utilizado en PreGap4

Parámetros del Quality Clip	Valor usado
Longitud de ventana	50
Valor de confianza promedio	15
Longitud mínima (si es demasiado corto, lectura rechazada)	100
Parámetros del vector del clonaje	Valor usado
% mínimo emparejado en 5'	60
% mínimo emparejado en 3'	80
Posición 5' por defecto	-1

Para verificar que las lecturas ensambladas no fueran secuencias quiméricas, se utilizó la herramienta Mallard v1.02 (Ashelford et al., 2006) y las curvas de rarefacción de las secuenciones se realizaron con el software Analytic Rarefaction v.1.3 (<https://strata.uga.edu/software/index.html>) y para el ajuste no lineal con la ecuación de Clench se utilizó el complemento SOLVER de EXCEL, con un ajuste mínimo mediante el método de resolución GRG y convergencia estándar de 0,0001, obteniendo el coeficiente de correlación que, elevado al cuadrado, proporciona el coeficiente de determinación del ajuste realizado.

La identificación más probable de las secuencias obtenidas se realizó mediante Blastn (Altschul et al., 1990) y RDPSeqMatch (Cole et al., 2014) y se agruparon las secuencias en árboles filogenéticos para confirmar las afinidades entre ellas y secuencias procedentes de las bases de datos.

Para ello, se alinearon las secuencias en el RDPAligner (Cole et al., 2014) mediante el método INFERNAL (Nawrocki et al., 2009). Posteriormente se seleccionaron las regiones informativas de interés con GBlocks (Castresana, 2010) y se seleccionó el modelo evolutivo más probable con jModelTest (Darriba et al., 2012) para poder realizar el análisis filogenético de las secuencias por máxima verosimilitud con el software PhyML (Guindon and Gascuel, 2003). Para construir los árboles filogenéticos se utilizó el software de libre acceso FigTree v1.4.3 (<https://github.com/rambaut/figtree/releases>).

4.5.6 Secuenciación Illumina y tratamiento bioinformático

La secuenciación Illumina se realizó utilizando el dispositivo Illumina Mi-Seq, insertando previo a la secuenciación una secuencia barcode con 8 ciclos de PCR (5'-GTGCCAGCMGCCGCGGTAA-3') para facilitar el tratamiento posterior bioinformático de las lecturas utilizando el kit MS-102-3003 V3-600 en el Core Facility Molecular Biology del Center for Medical Research en la Medical University of Graz (Austria), siguiendo el protocolo descrito en Mora et al., 2016.

El flujo de trabajo bioinformático del proceso de secuenciación masiva (figura 10) fue realizado con QIIME v.1.9.1 (Caporaso et al., 2010) en el servidor Galaxy de la Medical University of Graz (<https://galaxy.medunigraz.at/>).

Para la identificación de las secuencias se utilizaron las bases de datos de SILVA-128 de la SSU (<https://www.arb-silva.de/documentation/release-128/>, Quast et al., 2013) al 97% de identidad y la base de datos de Greengenes (<http://greengenes.secondgenome.com/downloads>, DeSantis et al., 2006) de mayo de 2013 al 85% de identidad.

El archivo final fue procesado manualmente³, eliminando las secuencias presentes tanto en la muestra como en el control negativo. También se eliminaron las secuencias sospechosas de ser debidas a contaminación.

Una vez obtenida la tabla de abundancia de los OTUs en las diferentes muestras, se procedió por un lado a obtener una agrupación de las muestras en función de la similitud de las comunidades microbianas presentes utilizando el software online Calypso (Zakrzewski et al., 2017). En el análisis se seleccionó realizar una normalización de los datos y una transformación mediante raíz cuadrada (transformación Hellinger), recomendada por el servidor Calypso, y se utilizó el índice de correlación de Spearman (Spearman, 1904). Por otro lado se realizó una inferencia metagenómica del metabolismo de la comunidad microbiana mediante la herramienta online Piphillin (Iwai et al., 2016).

4.5.6.1 Identificación y caracterización de secuencias no asignadas

Para poder realizar la categorización de las secuencias que quedaron sin asignación taxonómica por QIIME, se procedió a buscarlas individualmente mediante Blastn (Altschul et al., 1990) y RDPSeqMatch (Cole et al., 2014) y se agruparon en árboles filogenéticos con el fin de confirmar las afinidades entre las diferentes secuencias.

³ Remarcar que para el procesamiento manual de las numerosas secuencias obtenidas, la utilización de herramientas bioinformáticas como FaBox v.1.5 y Bioedit v. 7.2.5 facilitó la tarea (Villesen, 2007; Hall, 1999).

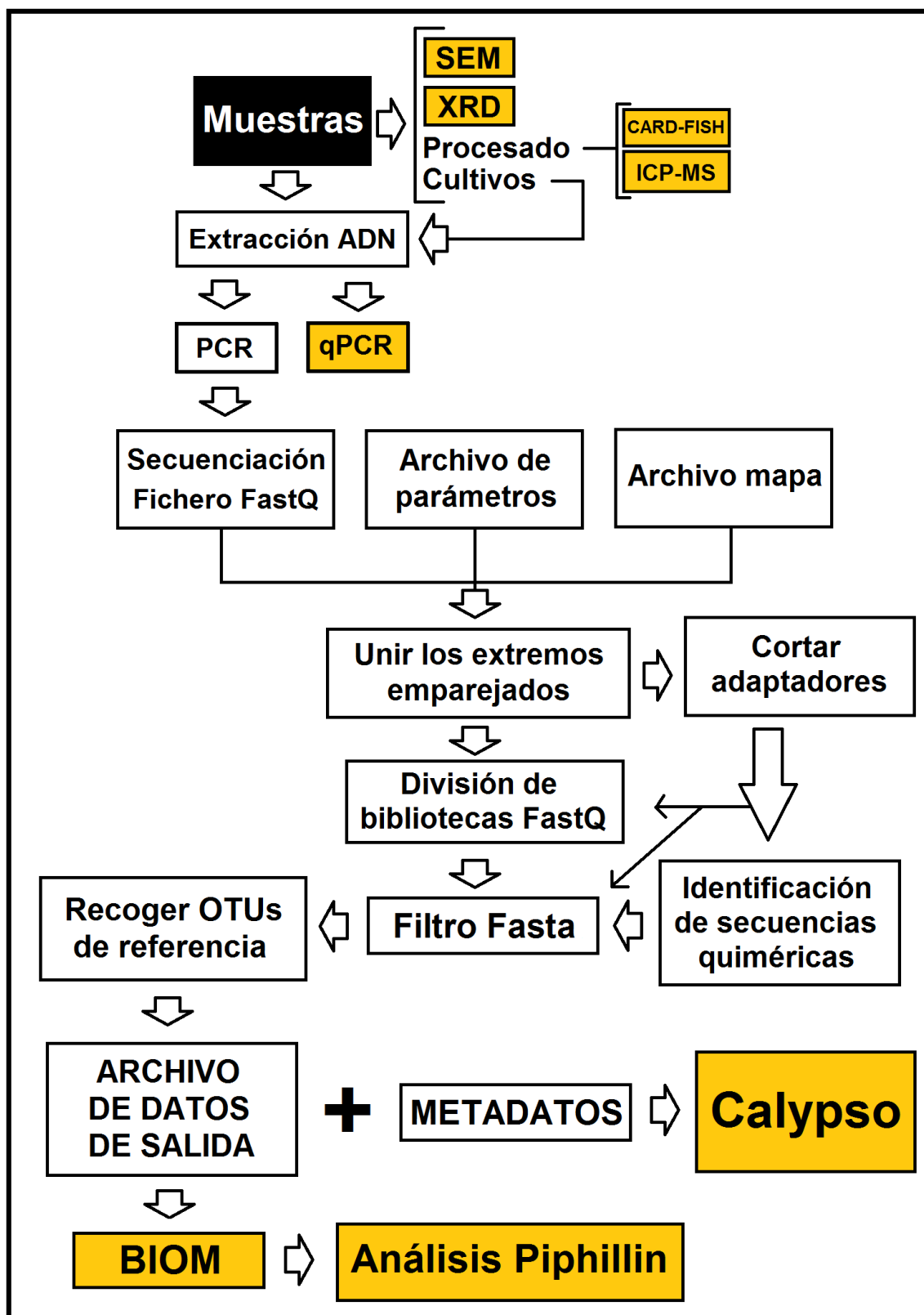


Figura 10: Diagrama del flujo de trabajo realizado en el que se especifica el flujo de trabajo en el procesado bioinformático de las muestras secuenciadas por Illumina Mi-Seq. Los recuadros amarillos hacen referencia a diferentes técnicas aplicadas o a herramientas utilizadas para el estudio de las muestras ambientales de este trabajo.

Para ello, se alinearon las secuencias en el RDPAligner (Cole et al., 2014) mediante el método INFERNAL (Nawrocki et al., 2009). Posteriormente se seleccionaron las regiones informativas de interés con GBlocks (Castresana, 2010) y se seleccionó el modelo evolutivo más probable con jModelTest (Darriba et al., 2012) para poder realizar el análisis filogenético de las secuencias por inferencia bayesiana (Huelsenbeck and Ronquist, 2001) con $3 \cdot 10^7$ análisis de generaciones y un burnin del 25%.

4.5.7 Cálculos de los parámetros de interés ecológico

Todos los cálculos de parámetros de interés ecológico realizados se hicieron con el software R v.3.3.3 (R core team, 2017) mediante el paquete vegan (Oksanen et al., 2017), excepto los análisis de componentes principales (PCA), que se realizaron con el software Past3 (Hammer et al., 2001). Los detalles matemáticos de los parámetros ecológicos utilizados pueden consultarse en Hill et al., 2003.

4.5.8 Cultivos de enriquecimiento

Con el objetivo de obtener información complementaria sobre la presencia de microorganismos en las muestras, se realizaron los siguientes cultivos de enriquecimiento en condiciones anaerobias: $\text{Fe}^{+2} + \text{NH}_4\text{NO}_3$ (Schmid et al., 2014) con la muestra **Berr** con el fin de aislar miembros del género *Acidovorax*; DG + 2 g/l de S^0 (Pierson and Castenholz, 1974; Garrity and Holt, 2001) con las muestras **Hem** y **Mag** con el fin de aislar algún miembro de phylum Chloroflexi y medio DG (sin S^0) en condiciones aerobias con la muestra **P1**.

Tras los procesos de extracción del ADN, secuenciación y revisión de las secuencias bioinformáticamente, se extrajo información complementaria sobre la diversidad de los microorganismos presentes en las distintas muestras ambientales.

4.5.9 Hibridación *in situ* (CARD-FISH)

La técnica de hibridación *in situ* utilizando sondas fluorescentes (FISH) (figura 11) está basada en la utilización de un oligonucleótido complementario a una secuencia específica del ARN 16S de un determinado microorganismo o grupo de microorganismos con el fin de identificarlos y cuantificarlos en muestras naturales mediante la permeabilización de los microorganismos y la exposición a la sonda convenientemente marcada con un colorante fluorescente (Kubota, 2013). A diferencia del FISH, la técnica CARD-FISH tiene etiquetada en el extremo 5' de la sonda una peroxidasa del rábano picante

(HRP) que, con la adición de H₂O₂ al 30% provoca la oxidación de la tiramida (Sigma, T2879) que tiene conjugado el fluoróforo, depositándose en las células hibridadas y permitiendo una amplificación de la señal de hibridación (figura 11, recuadro central). Los detalles del protocolo utilizado en este trabajo se indican en Schmidt et al., 2012.

Una pequeña porción de las muestras fueron inmediatamente fijadas en formaldehído al 4% en su recogida para su posterior inmovilización y permeabilización correspondiente en el laboratorio, evitando así cualquier alteración posterior en las muestras.

El fluoróforo seleccionado para detectar señales específicas de hibridación fue la Alexa 594 (Biomers, Molecular Probes; A20000), utilizado satisfactoriamente en estudios de hibridación en el subsuelo de la IPB (Escudero, tesis 2018). Para verificar la autenticidad de la señal de hibridación y evitar falsos positivos, se aplicó un fluoróforo genérico con afinidad al ADN, el Syto9 (ThermoFisher, S34854) que se ha reportado como el más adecuado para hibridaciones de roca en el subsuelo de la IPB (Escudero, tesis 2018), por lo que únicamente se consideran señales positivas de hibridación si los espectros de emisión de la Alexa 594 y el Syto9 coinciden con la longitud de onda a la cual tienen su máxima emisión (tabla 15).

Diferentes sondas con diferentes especificidades complementarias que van desde los dominios Bacteria y Archaea hasta nivel de género fueron utilizadas para complementar la descripción de las comunidades microbianas presentes en las muestras **Berr**, **P1**, **Hem** y **Mag** (tabla 16).

Las imágenes procedentes de las hibridaciones realizadas se obtuvieron con el láser confocal LSM 510 acoplado a un microscopio AxioObserver (Zeiss) equipado con un láser de Argón (488/514 nm) y un láser de Helio-Neón (543/633 nm), visualizándose con un objetivo de lente de 63x en aceite de inmersión (Immersion, Zeiss).

Posteriormente las imágenes obtenidas en los diferentes canales (rojo para la sonda utilizada, verde para el Syto9 y gris para el reflejo) fueron ensambladas utilizando el software ImageJ (Schneider et al., 2012).

Tabla 15: Picos de excitación y de emisión de los fluoróforos usados para los experimentos de hibridación.

Nombre del fluoróforo	Pico de excitación	Pico de emisión
Alexa 594	590 nm	617 nm
Syto 9	485 nm	500 nm

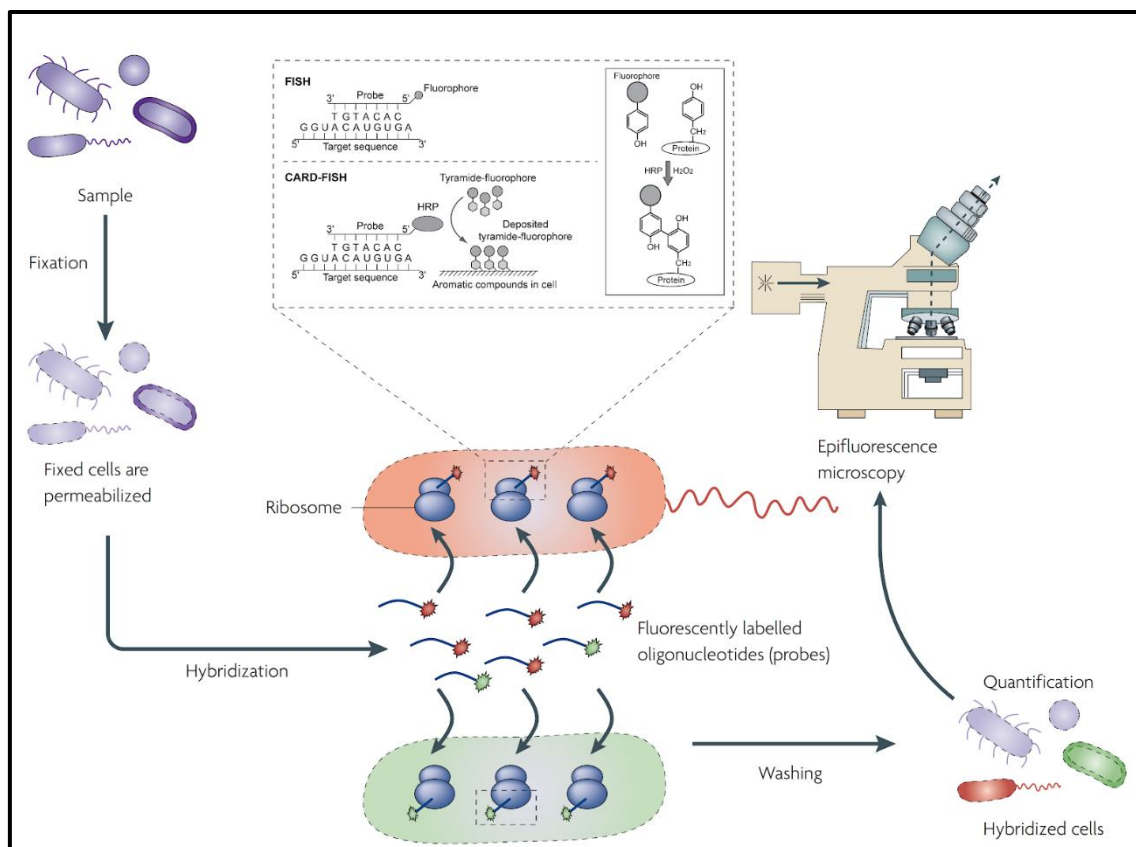


Figura 11: Esquema de una hibridación in situ. En el recuadro central superior se remarcan las diferencias entre un FISH y un CARD-FISH y la reacción que permite al fluoróforo depositarse en las células con la diana específica. Imagen modificada de Amann and Fuchs, 2009 y Kubota, 2013.

Tabla 16: Sondas para el CARD-FISH utilizadas en este trabajo. Se indica la secuencia, especificidad de la sonda, el % de formamida para la hibridación y la concentración de NaCl para el lavado de la sonda junto con el artículo de referencia en el que se describe la sonda.

Sondas utilizadas	Secuencia (5' → 3')	Especificidad	% Formamida / [NaCl] (mM)	Referencia
ACD 840	CGACACTGAAGTGCTAAGC	<i>Acidiphillum</i> sp.	10 / 450	Bond and Banfield, 2001
ACI 145	TTTCGCTTCGTTATCCCC	<i>Acidovorax</i> spp.	35 / 80	Schulze et al., 1999
ALF 968	GGTAAGGTTCTGCGCGTT	α -Proteobacteria	20 / 225	Neef, 1997
ARC 915	GTGCTCCCCGCCAATTCCT	Archaea	20 / 225	Stahl and Amann, 1991
BET 42a ¹	GCCTTCCCACTTCGTTT	β -Proteobacteria	35 / 80	Manz et al., 1992

CF 319a	TGGTCCGTGTCTCAGTAC	Bacteroidetes	35 / 80	Manz et al., 1996
CFX 109	CACGTGTTCTCAGCCGT	Chloroflexi (Div. 3)	30 / 112	Björnsson et al., 2002
CFX 1223 + GNSB 941 ³	CCATTGTAGCGTGTGTGTMG	Chloroflexi	35 / 80	Björnsson et al., 2002
	AAACCACACGCTCCGCT			Gichet al., 2001
CYA 361	CCCATTGCGGAAAATTCC	Cyanobacteria	35 / 80	Schönhuber et al., 1999
EUB 338 I-II-III ³	GCTGCCTCCCGTAGGAGT	Bacteria	35 / 80	Amann et al., 1990
	GCAGCCACCCGTAGGTGT	Planctomycetes		Daims et al., 1999
	GCTGCCACCCGTAGGTGT	Verrucomicrobia		
EURY 806	CACAGCGTTTACACCTAG	Euryarchaea	20 / 225	Teira et al., 2004
GAM 42a ²	GCCTTCCCACATCGTTT	γ-Proteobacteria	35 / 80	Manz et al., 1992
HGC 69a	TATAGTTACCACCGCCGT	Actinobacteria	25 / 159	Roller et al., 1994
LF 665	CGCTTCCCTCTCCCAGCCT	<i>L. ferrooxidans</i> Grupos I, II, III	35 / 80	Bond and Banfield, 2001
LGC 354a + LGC 354b ³	TGGAAGATTCCCTACTGC	Firmicutes	35 / 80	Meier et al., 1999
	CGGAAGATTCCCTACTGC			
MSSH 859	TCGCTTCACGGCTTCCCT	Methanosarcinales	35 / 80	Boetius et al., 2000
NON 338	ACTCCTACGGGAGGCAGC	Control Negativo	0 / 900	Wallner et al., 1993
SRB 385	GTTCTCCAGATATCTACGG	Bacterias reductoras del sulfato (SRB)	35 / 80	Amann et al., 1990
SS HOL 1400	TTCGTGATGTGACGGGC	Acidobacteria	20 / 225	Meisinger et al., 2007
SUL 228	TAATGGGCCGCGAGCTCCC	<i>Sulfobacillus</i> sp.	30 / 112	Bond and Banfield, 2001
THIO 820	ACCAAACATCTAGTATTCATCG	<i>Acidithiobacillus</i> sp.	10 / 450	Peccia et al., 2000

¹La sonda no etiquetada Bet42a se usó en cantidades iguales como competidor para mejorar la especificidad. ²La sonda no etiquetada Gam42a se usó en cantidades iguales como competidor para mejorar la especificidad. ³Se utilizaron las sondas en cantidad equimolares.

5 RESULTADOS Y DISCUSIÓN

5.1 Análisis mineralógico y composición elemental de las muestras

El estudio mineralógico y elemental de los revestimientos de roca seleccionados de la cuenca del Río Tinto nos permitirá realizar una comparación con los datos de barnices de roca existentes en la literatura (apartado 5.3) con el fin de determinar si alguna de las muestras rocosas estudiadas puede englobarse dentro de alguna de las categorías establecidas para los barnices de roca.

Se procedió al análisis mineralógico de las muestras recolectadas en las dos zonas de muestreo, Origen y Berrocal, utilizando difracción de Rayos X (XRD) (apartado 4.2.1) y su composición elemental por ICP-MS (apartado 4.2.2) con el fin de detectar similitudes y diferencias entre ellas. La selección de estos dos lugares de muestreo se debe principalmente a las diferencias detectadas entre ambos puntos de muestreo, ya que la zona del Origen tiene un carácter más extremo en su química mientras que la zona de Berrocal tiene características intermedias entre Origen y la desembocadura del río (Fernández-Remolar et al., 2003).

La morfología de la zona del Origen está formada por fragmentos de rocas que no muestran una gran erosión y no están fuertemente compactadas, tal y como se observa en la unidad litoestratigráfica (**Mag y Hem**), que muestran una gradación de color amarillo a color rojizo (figura 6-A) y en la muestra **Ror**, un fragmento de roca de aspecto terroso y de color rojo intenso situada cerca del margen del cauce del río (figura 6-B).

En cambio, en Berrocal, se observa que hay depositados numerosos cantos compactos redondeados de color grisáceo, producto de la erosión y transporte por el cauce del río (Fernández-Remolar, 2003; Amils et al., 2014; figura 7). En la zona puede observarse una gran cantidad de sedimentos acumulados en los márgenes del cauce del río que se depositan a lo largo de todo el lecho cuando el río sufre crecidas en el nivel del agua en la época de lluvias, a diferencia de la zona del Origen cuyo flujo de agua es pequeño y constante comparado con Berrocal. Esto hace que sea de gran interés analizar los sedimentos del margen del río (muestra **Berr**) y los pequeños cantos redondos (**N-Berrocal**) cercanos a la muestra de roca **P1**, con el fin de determinar si la deposición de color marrón observada sobre la superficie de la muestra **P1** está acumulando o perdiendo ciertos elementos con respecto a los que se encuentran en su entorno.

5.1.1 Origen

La mineralogía observada en la capa roja superior (**Hem**) y en la amarilla inferior (**Mag**) de la unidad litoestratigráfica del Origen (apartado 4.1.1) es similar (XRDs en el apéndice M). En ambos casos está compuesta por cuarzo y moscovita / illita. La diferencia fundamental entre ambas reside en los óxidos de hierro que poseen, siendo hematita en la muestra **Hem** y magnetita en la muestra **Mag**. Esta simple observación evidencia una transformación mineralógica con el paso del tiempo en la unidad litoestratigráfica, algo ya observado en la cuenca del río (Fernández-Remolar et al., 2003).

Aunque la muestra **Mag** reveló la presencia de magnetita, sería preciso indicar que teniendo en cuenta que la magnetita es de color negro y la muestra **Mag** es de color amarillo, es muy probable que la magnetita sea sólo uno de los muchos minerales de hierro que componen la muestra, siendo más razonable pensar que el color amarillo de la muestra se debe a la presencia de limonita en la misma (<https://www.mindat.org/min-2402.html>).

La limonita se define como un óxido de hierro hidratado amorfo, lo que explica que solo hayamos detectado magnetita por XRD, ya que la magnetita sí es cristalina y por lo tanto detectable por esta técnica. La limonita es susceptible a sufrir alteraciones mineralógicas a lo largo del tiempo, algo lógico teniendo en cuenta que la muestra **Mag** se sitúa en la zona más próxima al cauce del río.

De hecho la magnetita tiene dos átomos de hierro en estado oxidado y un átomo de hierro en estado reducido, con un promedio de + 2,66 en el estado de oxidación y una estructura cristalina cúbica isométrica; sin embargo la hematita tiene una estructura cristalina romboédrica con sus átomos de hierro en estado oxidado (Cornell and Schwertmann, 2003) por lo que queda claro que la unidad litoestratigráfica que hemos estudiado ha sufrido cambios en la estructura cristalina, y que pueden deberse a la actividad microbiana o a alteraciones abióticas a lo largo del tiempo.

Los análisis semicuantitativos para determinar la composición elemental mostraron resultados similares en ambas muestras (figura 12) con el hierro, aluminio, sodio, potasio y titanio como los elementos principales encontrados en una gran abundancia (figura 12-A) y que coincide con los elementos que se asocian a los minerales identificados por XRD. Del resto de elementos que poseen una abundancia menor, habría que destacar, en orden de su abundancia en las muestras, la presencia de bario, magnesio, zirconio, vanadio, calcio, manganeso, cromo, litio, plomo, arsénico, cobre o zinc (figura 12-B).

Mientras que en la muestra **Ror**, a diferencia de las muestras de la unidad litoestratigráfica, puede observarse una mayor preponderancia del hierro con respecto del resto de elementos encontrados, algo compatible con la mineralogía identificada en **Ror**, en donde sólo se detectaron óxidos de hierro:

hematita y goetita (apéndice M), evidenciando que posee un estado de oxidación alto.

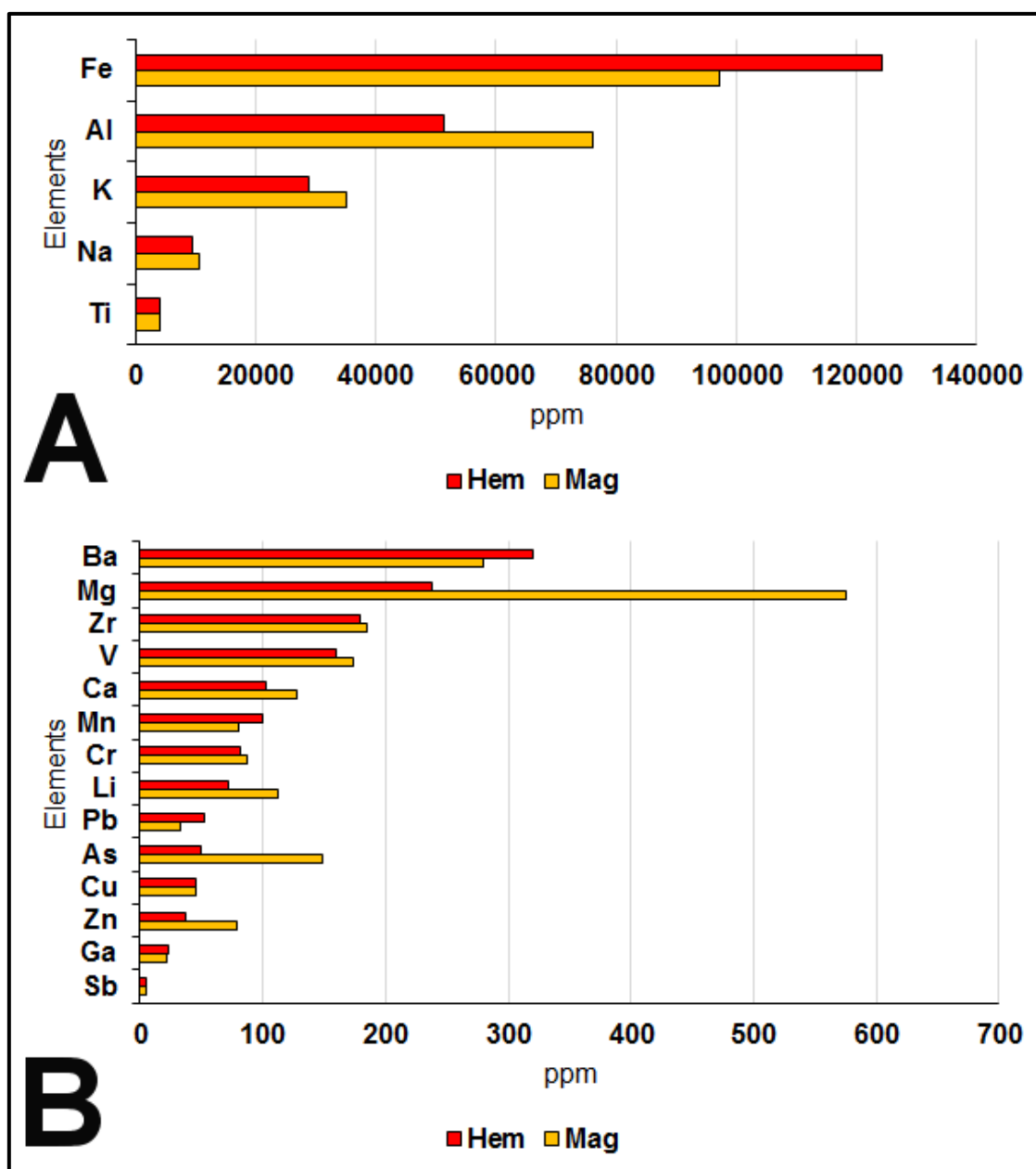


Figura 12: Composición elemental en la unidad litoestratigráfica del Origen. A: Los elementos más abundantes. B: Los principales elementos menores detectados en una cantidad apreciable por ICP-MS.

Los principales elementos identificados en **Ror** fueron el hierro (56660 ppm), aluminio (11395 ppm) y potasio (5562 ppm). El resto de elementos detectados mostraron concentraciones por debajo de las 1000 ppm, siendo el sodio, bario, titanio, yodo y plomo los elementos más abundantes en esta muestra (figura 13), siendo químicamente similar a las muestras de la unidad litoestratigráfica, aunque mucho más enriquecida en hierro.

Los resultados obtenidos son similares a los reportados en películas de hierro descritos en entornos similares (Dorn y Meek, 1995, Dixon and White, 2002), con hierro, aluminio, potasio y sodio como los principales elementos y cantidades muy bajas de manganeso, vanadio o cobre comparado con otros elementos como el yodo o el circonio, más abundantes en el análisis de la muestra **Ror**.

Este gran enriquecimiento en hierro con respecto al resto de elementos es habitual encontrarlo en películas de hierro, haciendo patente que en la zona del Origen la gran concentración de este elemento dificulta que otros elementos puedan estar presentes en gran cantidad.

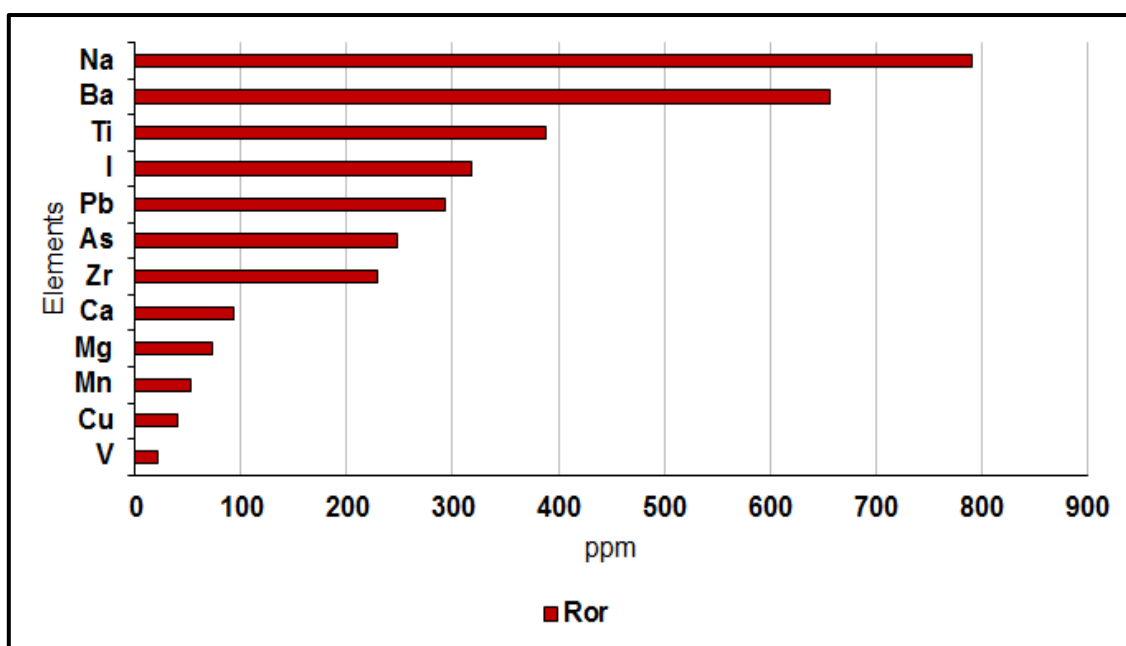


Figura 13: Composición elemental de la muestra Ror en la zona del Origen (no se muestran el hierro, aluminio y potasio, cuyos valores están indicados en el texto).

5.1.2 Berrocal

A diferencia de Origen, al ser el flujo del río mucho más abundante gracias a los aportes de distintos tributarios, se aprecia la presencia de numerosas partículas minúsculas transportadas por el cauce del río, así como la presencia de sedimentos en los márgenes.

El análisis de los tres sedimentos recogidos en el margen del río (**Berr1**, la más cercana al margen del río, **Berr2** y **Berr3**, la más lejana al margen, figura 8, apartado 4.1.2) reflejan exactamente la misma mineralogía por XRD (cuarzo, jarosita, hematita y pirita, apéndice M). La pirita (FeS_2), es un sulfuro de hierro precursor de los óxidos de hierro (Cornell and Schwertmann, 2003) y de la jarosita, un sulfato de potasio y hierro (<https://www.mindat.org/min-2078.html>),

minerales secundarios que se forman por la oxidación de la piritita y de otros sulfuros metálicos en el ecosistema del Río Tinto (Amils et al., 2014). La hematita en cambio es un óxido de hierro estable, producto final de transformaciones mineralógicas de otros óxidos de hierro, como la ferrihidrita (Cornell and Schwertmann, 2003).

Como ya apunta la mineralogía y dadas las características del sistema que estamos estudiando, el elemento más abundante encontrado ha sido el hierro, con más de $2 \cdot 10^5$ ppm en las muestras analizadas. El resto de elementos refleja la química de metales pesados que hay en solución en el cauce del río (figura 14-15), algo lógico teniendo en cuenta que el punto de muestreo se sitúa muy próximo al margen del río y por lo tanto la química del agua del río debe influir de manera importante en la composición elemental de los sedimentos (Amils et al., 2014).

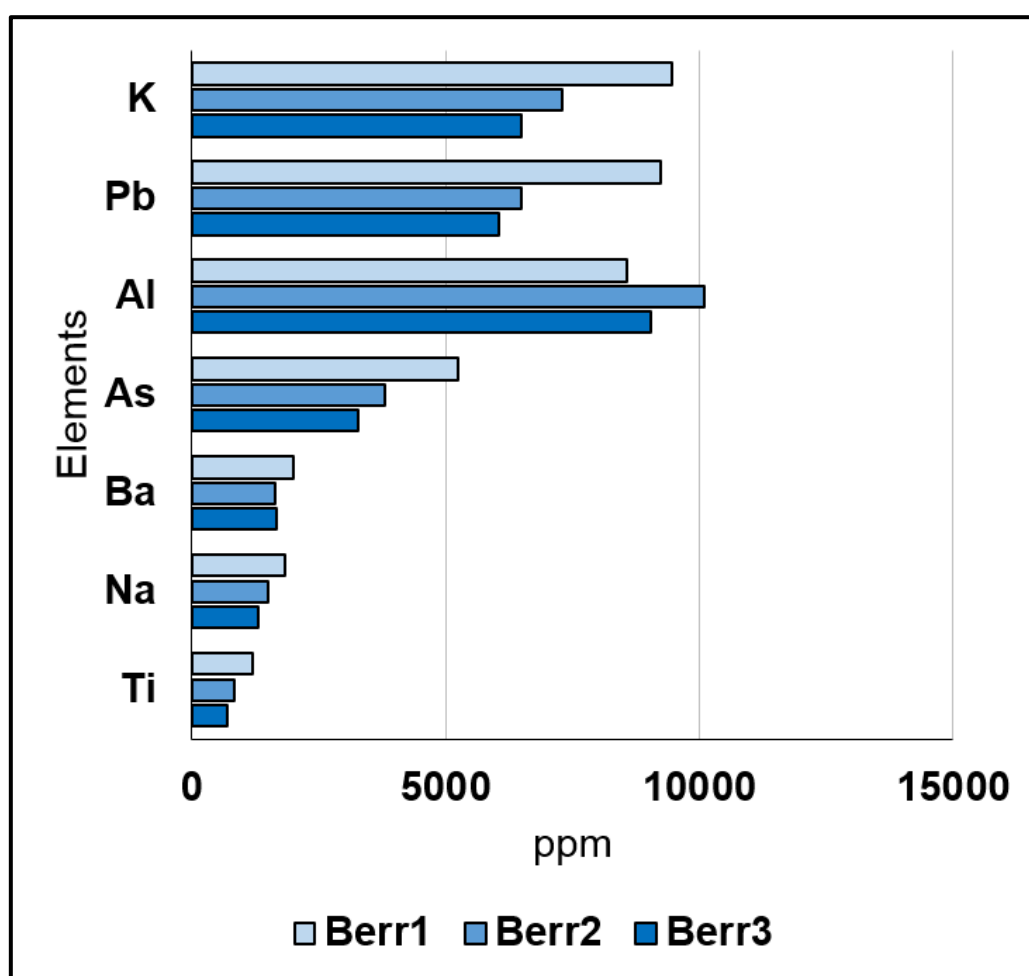


Figura 14: Abundancia de los principales elementos en los sedimentos de Berrocal (el hierro no se muestra; el valor del Fe se indica en el texto).

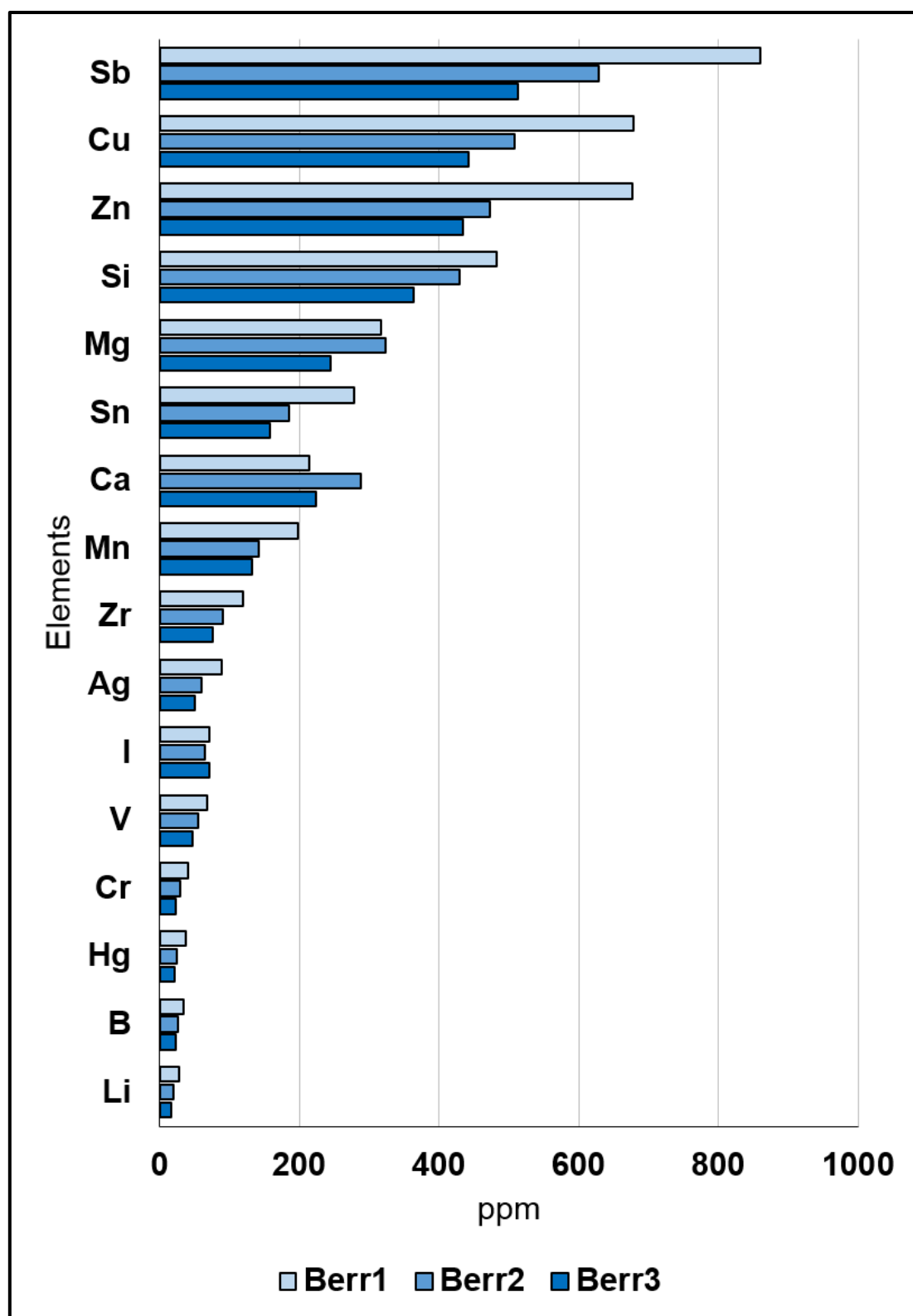


Figura 15: Composición elemental de elementos menores presentes en los sedimentos de Berrocal.

El análisis mineralógico de la muestra **N-Berrocal** mostró la presencia de hematita, jarosita y cuarzo, composición idéntica a las muestras **Berr**, a excepción de la pirita, ausente en la muestra **N-Berrocal** (apéndice M). En cambio la muestra de roca **P1**, cuyo núcleo en el que se deposita el revestimiento es un canto redondeado, reveló la presencia de cuarzo e illita (un mineral arcilloso) junto con chamosita férrica / clinocloro férrico, cuya presencia ha sido descrita en estudios de barnices de roca (apartado 2.3). La chamosita férrica / clinocloro férrico es un tipo de aluminosilicato que forma parte de un mineral transitorio de una solución sólida en el que el magnesio de la estructura cristalina se sustituye por hierro y contiene impurezas de elementos como calcio, potasio o manganeso en la estructura cristalina, lo que le dan su tonalidad (Cornell and Schwertmann, 2003).

El análisis elemental por ICP-MS reflejó una composición y abundancia de elementos en **N-Berrocal** similar a las muestras de sedimentos, con abundancia de plomo, arsénico y bario (figura 16 y apéndice M). En cambio la composición elemental de la muestra **P1** difiere sensiblemente de los sedimentos y de las partículas (figura 17 y apéndice M).

Puede observarse que **P1** posee una gran abundancia de hierro, aluminio, sodio, potasio y titanio tanto en la muestra de la parte externa del barniz como en la parte interna que está en contacto con la roca madre y en la mezcla de material procedente del proceso de separación del revestimiento sobre la roca (figura 17-A), siendo la abundancia de elementos similar a la encontrada en las muestras del Origen, aunque no tan extrema la cantidad de hierro y con una mayor diversidad en la abundancia de elementos presentes.

Sin embargo, a diferencia de las muestras del Origen en las cuales las deposiciones no están firmemente asentadas sobre la superficie de la roca, en la muestra **P1** se observa que la deposición está firmemente asentada.

Comparando la parte externa con la interna y con la mezcla de material, se puede observar un enriquecimiento en algunos elementos menores como manganeso, arsénico, bario o cobre, y de manera muy evidente el enriquecimiento de otros elementos como el zirconio, plomo o calcio (Figura 17-B).

Dada la estructura cristalina del óxido de hierro identificado en **P1**, la presencia de distintas impurezas provoca la aparición de distintas tonalidades debido a la incorporación de diferentes iones en la matriz cristalina del mineral. En nuestro caso el manganeso o el sodio (Barrón and Torrente, 2013), por lo que sugerimos que estos elementos se deben estar acumulando en la red cristalina del revestimiento, algo que por otra parte es característico de las deposiciones minerales sobre rocas (Dorn, 2007). La diferencia con las muestras de la unidad litoestratigráfica del Origen es que la ausencia de una influencia directa cíclica de deposición de elementos y la gran cantidad de hierro presente enmascara cualquier posibilidad de acumulación y de asentamiento firme sobre la superficie de las rocas.

Tras el análisis de la muestra de roca (**P1**), de las pequeñas partículas de roca recogidas en los alrededores de **P1** (**N-Berrocal**) y de los sedimentos (**Berr**), los resultados obtenidos por el XRD (apéndice M) parecen revelar una transición mineralógica de óxidos de hierro en los sedimentos del margen del río apoyada por un cambio en la composición de los elementos presentes en las muestras analizadas.

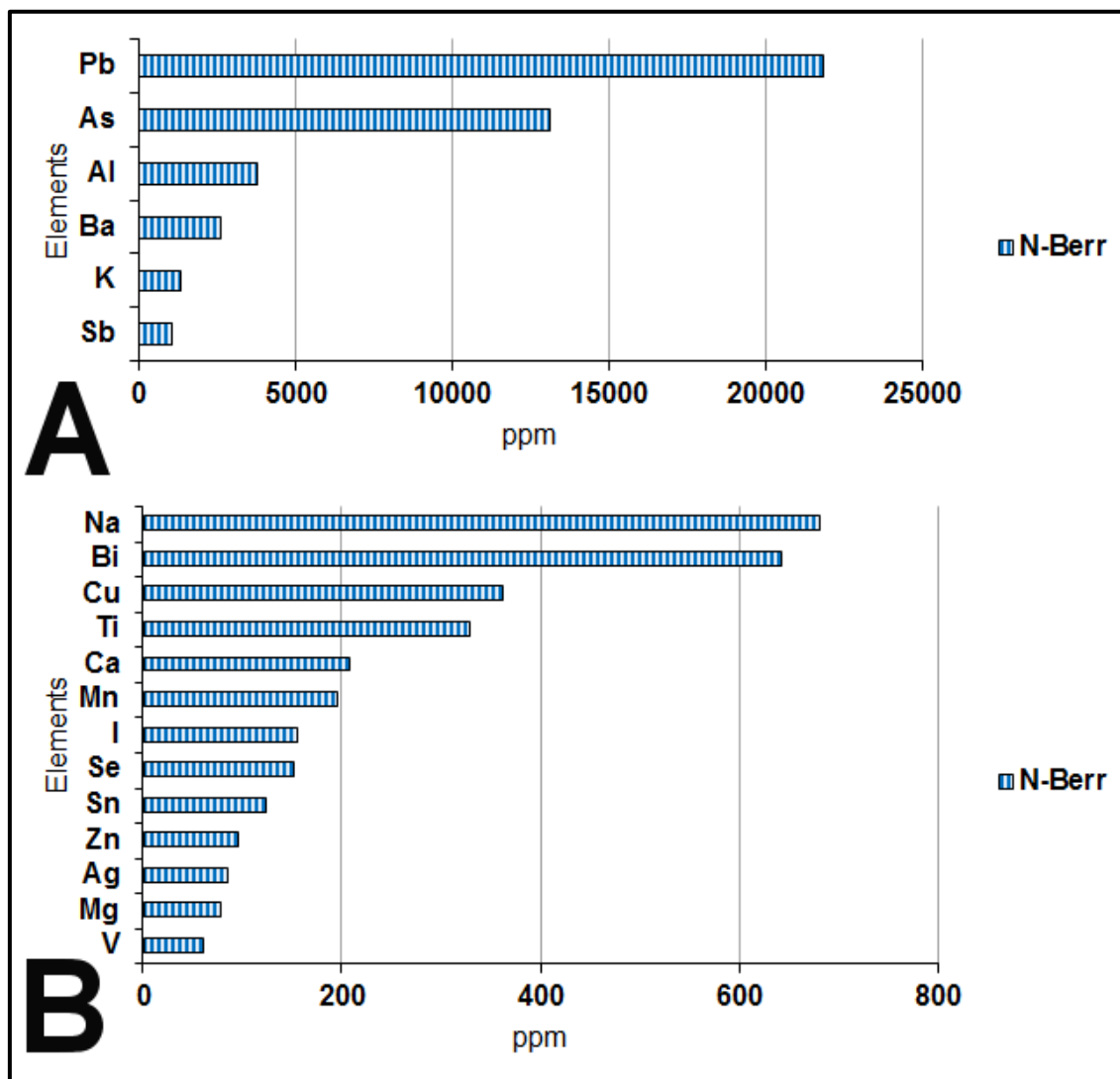


Figura 16: Composición elemental de las partículas de roca recolectadas alrededor de P1 (muestra N-Berrocal). A: Principales elementos detectados (el hierro no se muestra en la figura). B: Elementos con menor abundancia.

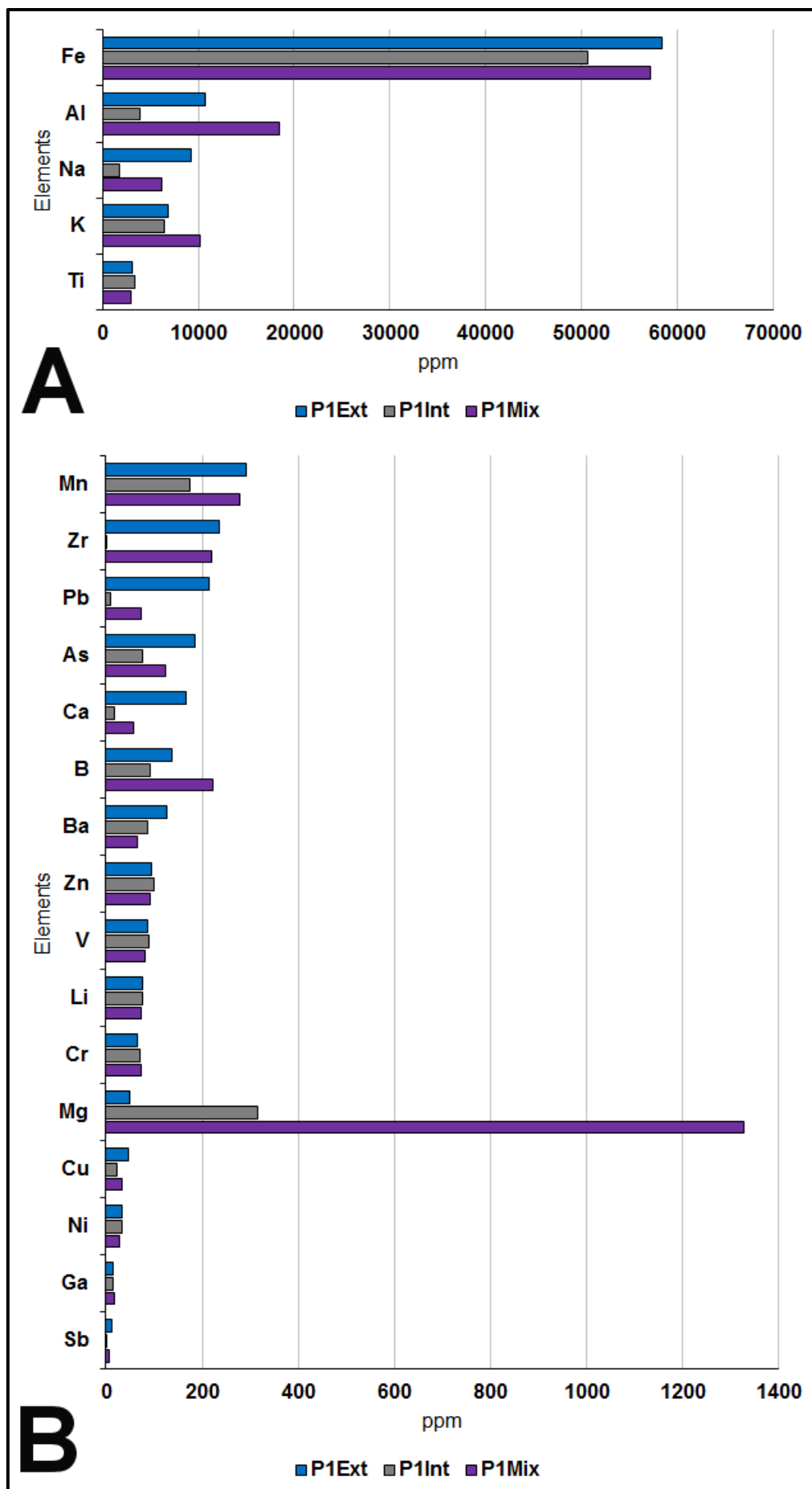


Figura 17: (Página anterior). **Composición elemental en el revestimiento de roca en Berrocal (P1).** [P1Ext], muestra de la parte externa; [P1Int], muestra de la parte interna y [P1Mix] mezcla de material. A: Elementos mayoritarios. B: Principales elementos menores.

5.2 Microscopía electrónica (SEM)

Con el fin de caracterizar la micromorfología y su relación con los elementos presentes en las muestras **P1** (zona Berrocal), **Hem** y **Mag** (zona Origen) a nivel microscópico, se realizaron múltiples observaciones de las muestras en el SEM.

5.2.1 Unidad litoestratigráfica. Zona Origen

La morfología que presentan las muestras **Hem** y **Mag** resultó ser bastante homogénea, con un aspecto botroidal y con material parcialmente compactado (figura 18), algo que es típico de los óxidos de hierro (Barrón and Torrent, 2013). En determinados lugares de la muestra se puede observar una cierta orientación del material pero sin ser definido y sin formar estructuras que le den una consistencia claramente laminar. Probablemente esto sea debido a una acción erosiva que se ha dado de manera progresiva en una determinada dirección sobre las muestras.

La similitud morfológica de **Hem** y **Mag** se puede encontrar también en los elementos identificados mediante el análisis por EDX: Si, O, Fe, Ti, Al, S, Na y K (figura 18-A₂ y 18-B₂), cuya presencia coincide con el tipo de mineralogía identificada por XRD y los resultados de los principales elementos obtenidos por ICP-MS, algo lógico al tratarse de muestras que proceden de la misma unidad litoestratigráfica y cuya única diferencia apreciable es el tipo de óxido de hierro que poseen, tal y como se ha comentado previamente en el apartado 5.1.1.

También se identificaron pequeños picos de carbono (figura 18) que puede indicar la presencia de materia orgánica dispersada en la muestra, aunque no se observó que fuera particularmente relevante en el conjunto de los análisis realizados en **Hem** y **Mag**.

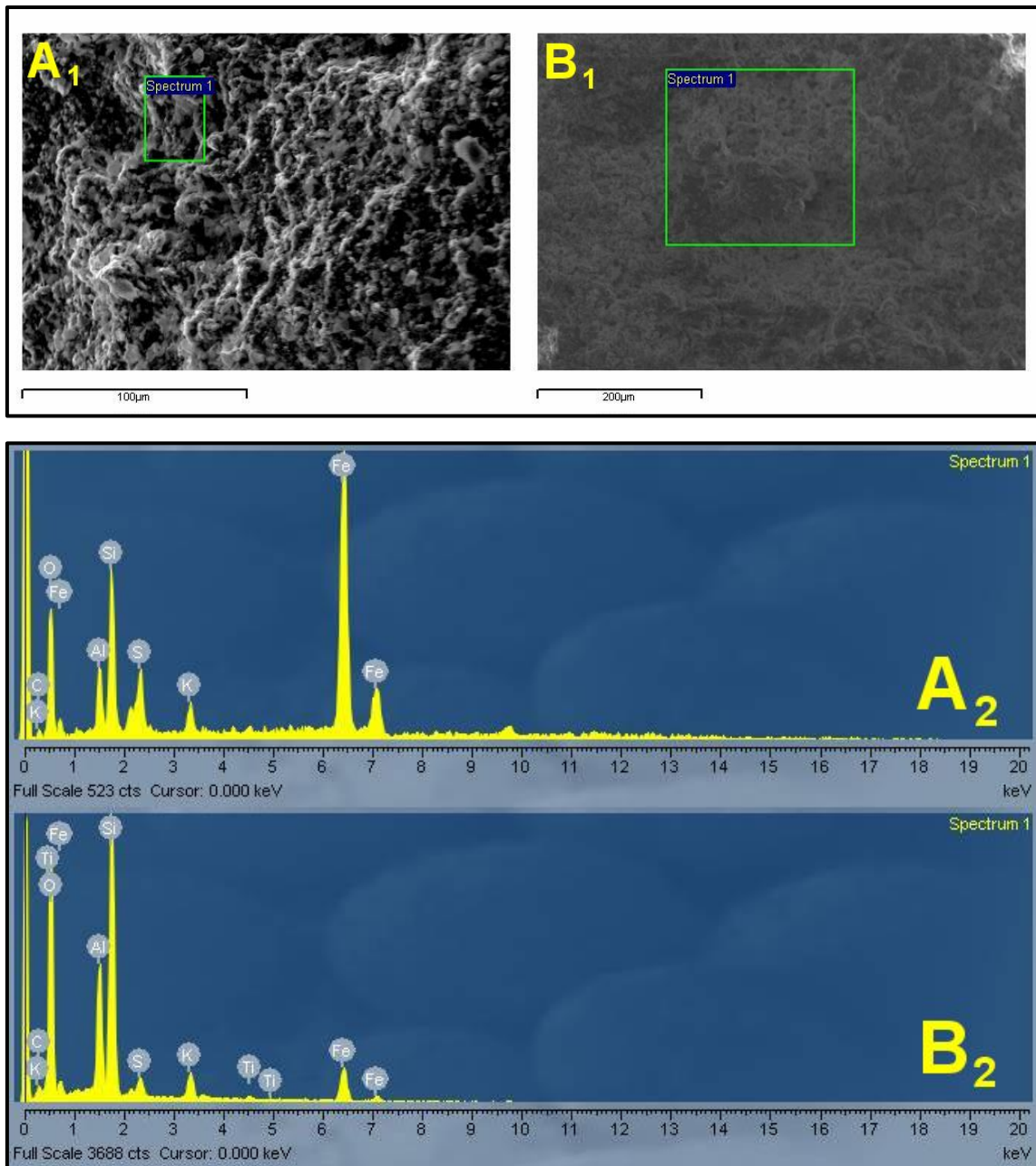


Figura 18: Observación por microscopía electrónica de barrido (indicado con el subíndice 1) y análisis EDX (indicado con el subíndice 2) de la muestras Hem (letra A) y Mag (letra B). Se puede observar en ambas muestras un pequeño pico de C y K, pero los elementos predominantes son el Fe, Si, Al en ambas muestras y además el Ti en **Mag**, aunque se encontró Ti también en **Hem** en algunas localizaciones dispersas (no mostrado en este análisis). Se puede observar la naturaleza botroidal de las muestras, especialmente en la imagen A₁.

5.2.2 Zona Berrocal, muestra **P1**

A diferencia de **Hem** y **Mag**, **P1** difiere considerablemente en la estructura y en algunos elementos identificados por SEM-EDX (figura 19-24), observándose una mayor diversidad de elementos, lo que apoya las observaciones realizadas por ICP-MS (apartado 5.1.2).

Junto con los elementos como el Si, Al, Fe o S encontrados tanto en la muestra **P1** como en **Hem** y **Mag**, hay que remarcar la presencia de elementos como P, Pb, Ca, As, Cu o Mn, en algunos de los análisis realizados sobre la muestra **P1**, reflejando una gran diversidad de elementos presentes, algo que ya pudo observarse en el análisis de la muestra **P1** por ICP-MS (apartado 5.1.2).

Dadas las características de Berrocal respecto al Origen, es factible pensar que esta diferencia podría deberse a la influencia del agua del río que contribuye al aporte de esos elementos en mayor cantidad en **P1** que en **Hem** y **Mag**, cuando el río inunda las partes superiores del cauce del río en sus crecidas estacionales (Fernández-Remolar et al., 2003).

A nivel microestructural, aunque también se observa de manera abundante formas botroidales como en las muestras del Origen, también se observa la presencia de formas laminares ausentes en las muestras **Hem** y **Mag** y que le confieren un aspecto muy diferente a la estructura botroidal observada en estas muestras (figura 19-20). Estas formas laminares están embebidas en la estructura botroidal de la muestra o bien hacen de nexo de unión en la estructura botroidal (figura 19-20), correspondiendo por la apariencia y por su análisis elemental a algún tipo de sedimento que estaría en consonancia con la idea de que durante las crecidas del río, al sumergirse la roca en el agua, se depositan sobre la misma no sólo elementos procedentes del agua, sino también pequeñas partículas de sedimentos que se cementan junto con la estructura cristalina de óxidos de hierro, y que se observan formando una laminación parcial en la superficie de la muestra. Esta idea además se ve reforzada por los valores negativos de $\delta^{13}\text{C}/\delta^{12}\text{C}$ encontrados en los análisis geoquímicos de la muestra (apartado 5.4), lo que podría indicar también algún tipo de biogenicidad en su formación.

Como en **Hem** y **Mag**, también se observaron en **P1** picos de carbono, pero a diferencia de éstas los valores son especialmente elevados en algunos puntos de la muestra, especialmente en algunas de las estructuras planas observadas (figura 19-20) así como en los agregados de partículas que se analizaron en detalle (figura 21). Todo ello compatible con la posibilidad de que se trate de acumulación de materia orgánica en la muestra, ya comentada previamente. Estos picos de carbono se observaron a veces asociados a picos de calcio y de manganeso (figura 22-24), lo que permitiría sugerir que la presencia de estos dos elementos se debe al producto de la acción biológica, pero no se dispone de suficientes datos para contrastar esta hipótesis.

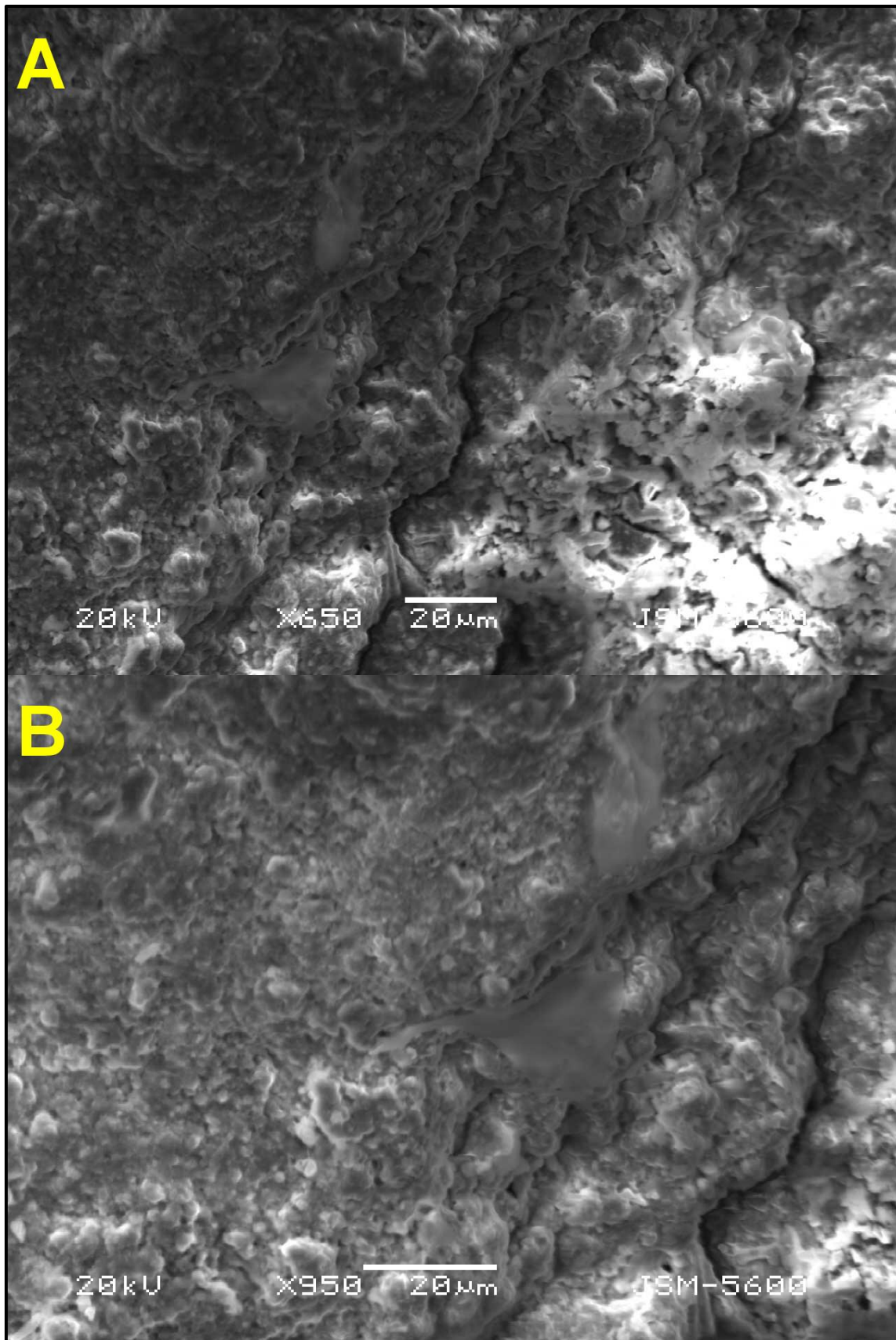


Figura 19: Imagen panorámica (A) y de detalle (B) de estructuras lisas y planas incrustadas en la estructura botroidal en la muestra P1.

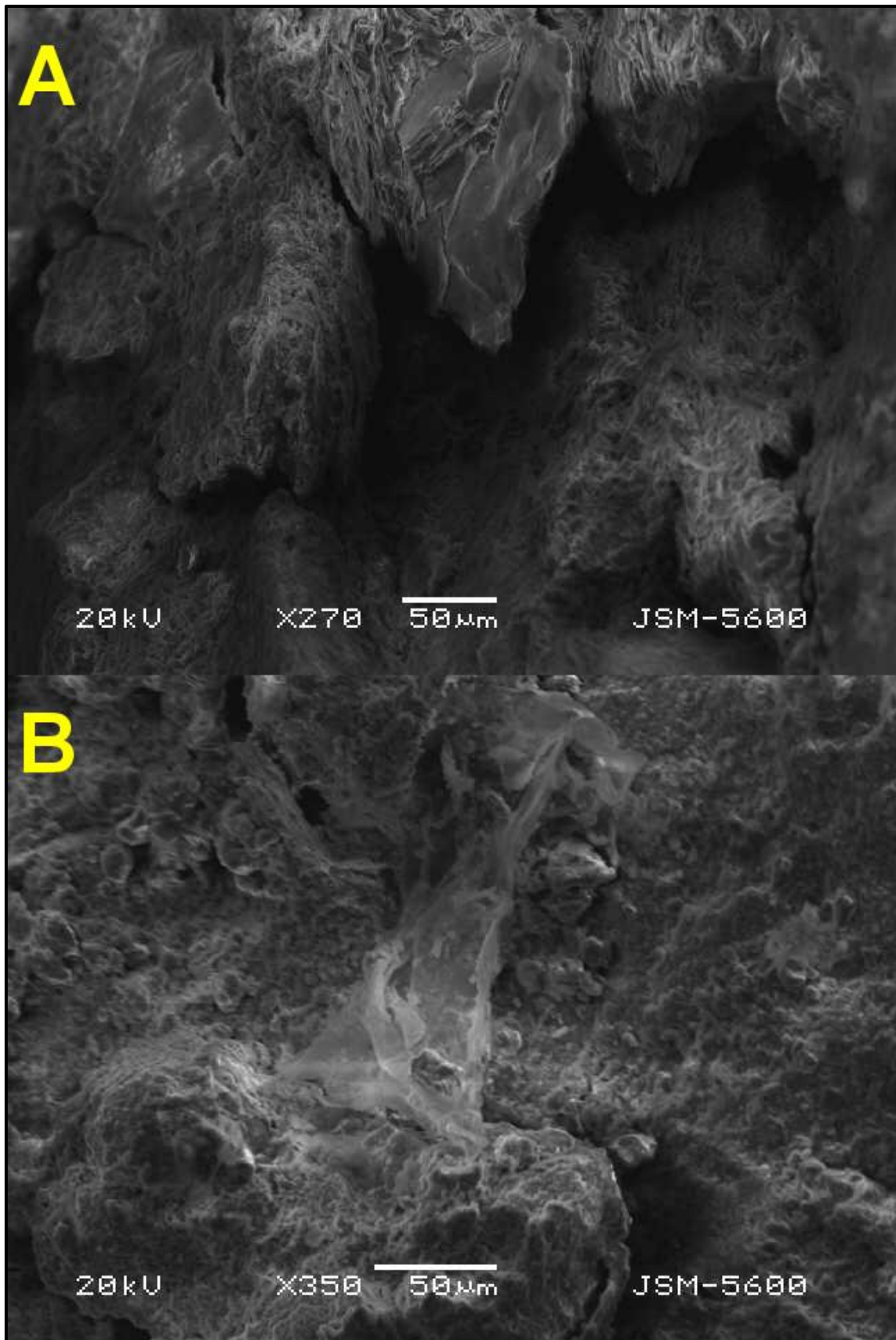


Figura 20: Observación de distintas morfologías en la muestra P1. La imagen tomada en A se sitúa entre la parte externa del barniz y la parte interna (figura 9). Puede observarse que la naturaleza botroidal es similar tanto en la parte superior como en la inferior, así como la existencia en dichas estructuras botroidales de finos

filamentos tubulares sobre partículas de roca completamente planas (parte superior central de la imagen A). En B también puede observarse la naturaleza botroidal de la muestra y la presencia de estructuras planas distintas a otras estructuras existentes en la muestra intercomunicando las distintas partes de la estructura botroidal.

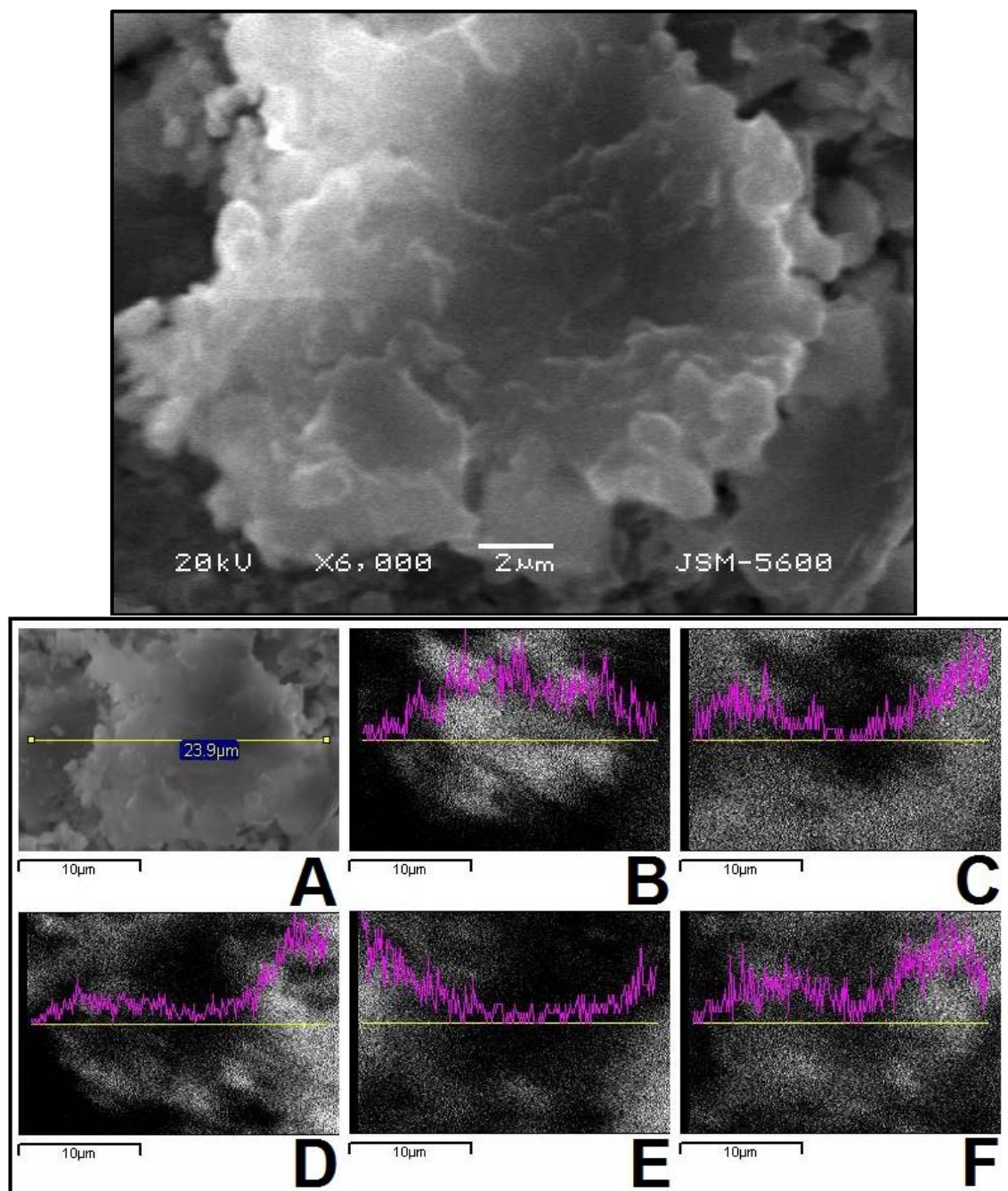


Figura 21: Detalle de una partícula orgánica en P1 (imagen superior). Se puede observar que no es sólida, que está formado por la agregación de otras partículas e incluso se pueden observar estructuras esféricas y bacilares que podrían corresponder a microorganismos incrustados en la partícula. Imagen inferior: Análisis elemental de la partícula orgánica. A: Imagen en SEM con indicación del tamaño de partícula aproximado y línea del análisis de intensidad de los elementos analizados; B: señal de intensidad de carbono; C: señal de intensidad de hierro; D: señal de intensidad de oxígeno; E: señal de intensidad de silicio; F: señal de intensidad de azufre.

5.2.2.1 Ca, Mn y materia orgánica

Los picos de calcio y manganeso identificados en **P1** son de gran interés puesto que, dada la química ácida del sistema de estudio, no debería de aparecer precipitaciones de estos elementos (figura 22-24). Pero de hecho estructuras minerales precipitadas de calcio con hierro han sido previamente identificadas en la cuenca de Río Tinto y se ha demostrado en experimentos de laboratorio que pueden ser mediadas por la actividad biológica bajo condiciones ácidas extremas (Sánchez-Román et al., 2014).

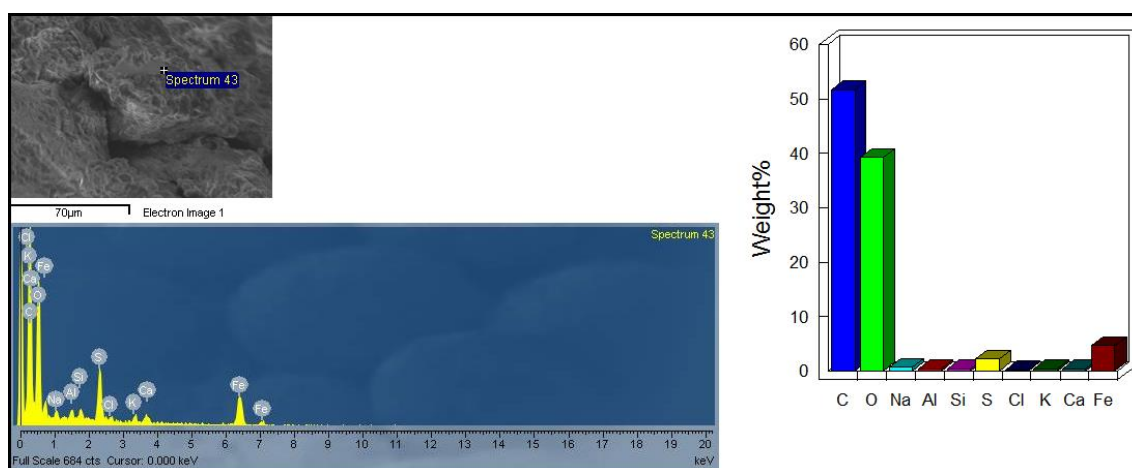


Figura 22: Detección de Ca en P1 (imagen en la parte superior izquierda) y asociado con una gran cantidad de materia orgánica (espectro del SEM en la parte inferior de la imagen y abundancia relativa observada en % a la derecha de la imagen).

El manganeso en condiciones ácidas es muy soluble, lo que evita su precipitación (Nijjer et al., 2000), por lo que su presencia junto con elementos como el calcio puede ser síntoma de un pH diferencial a nivel micrométrico (apartado 2.3.1.1). Sin embargo los óxidos de manganeso suelen ser extremadamente pequeños y poco cristalinos debido a su elevada capacidad de intercambio catiónico, algo especialmente relevante en suelos y sedimentos, complicando su identificación mediante técnicas como el XRD (Barrón and Torrente, 2013). Su identificación es sólo posible en algunas formas de deposición como nódulos en los océanos o barnices sobre rocas en forma de manganos, como por ejemplo la pirolusita (Dorn, 2007; Barrón y Torrente, 2013).

Sin embargo, a pesar de estas dificultades, se pudieron observar pequeñas estructuras en la matriz de la superficie de la muestra (figura 23) que podrían corresponder a óxidos de manganeso, lo que pudo confirmarse con un mapeado exhaustivo (figura 24). Este pico de Mn parece tener relación espacial con la presencia de picos de C, pero se carece de datos suficientes que respalden esta posible relación.

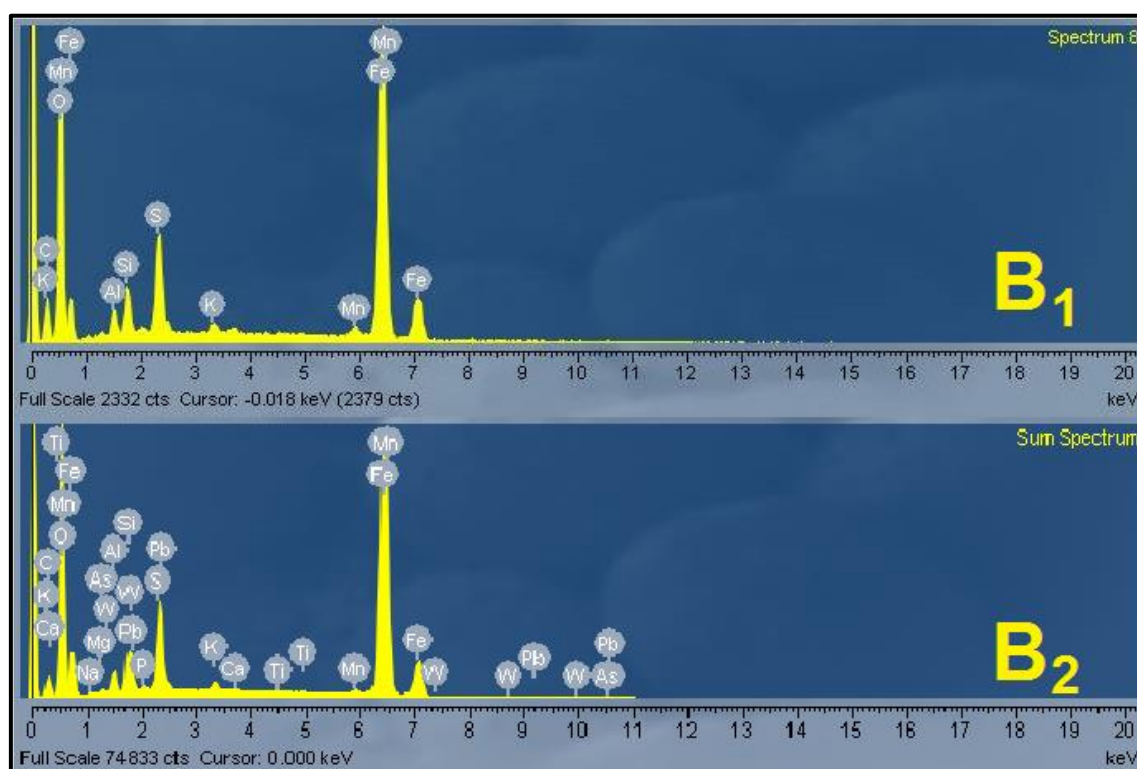
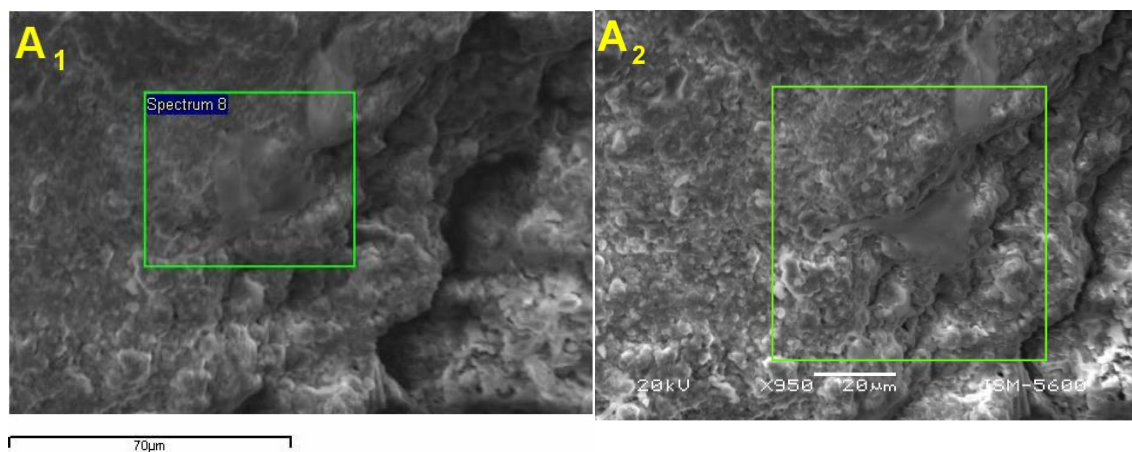


Figura 23: Detección de manganeso en dos zonas distintas (A_1 y A_2) de la muestra P1. Puede observarse que hay picos de C tanto en el espectro B_1 , correspondiente a la imagen A_1 , como en el B_2 , correspondiente a la imagen A_2 . También es posible observar en la imagen una cierta estratificación en capas. En la figura 24 se muestra un mapeado más detallado de la región en A_2 , corroborando la presencia de manganeso. En B_2 no hay que tener en cuenta la presencia de W, al ser un elemento de la platina en la que se apoya la muestra.

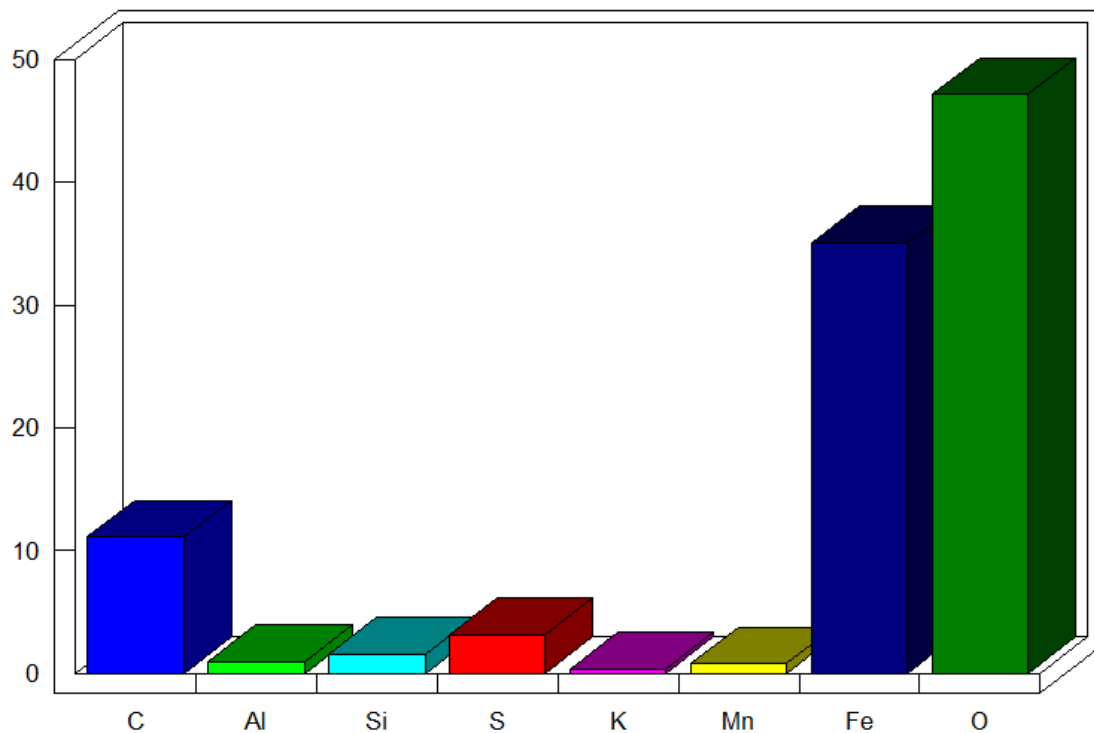
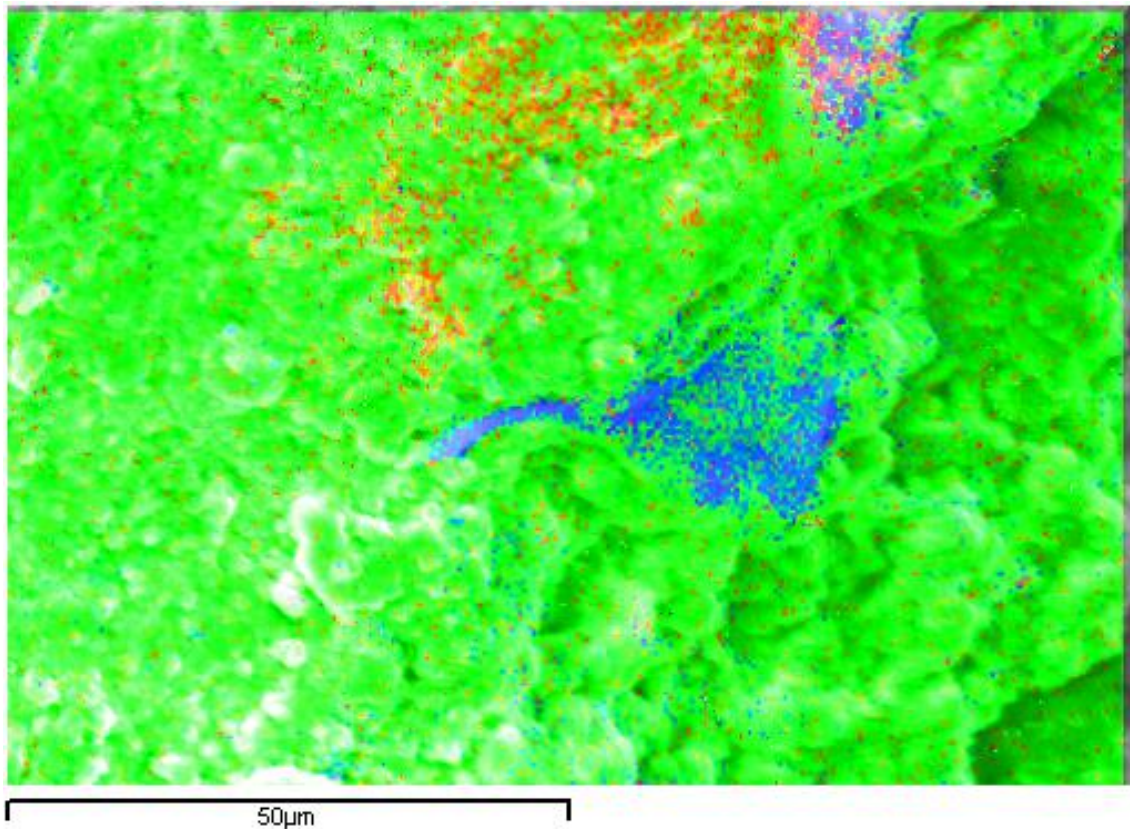


Figura 24: Mapeado elemental exhaustivo en el área indicada en la figura 23-A₂ y abundancia relativa encontrada. En azul, C; en rojo, Mn; en verde, Fe. Se puede observar que el carbono se concentra en las partes planas de la imagen. Se observa una baja concentración de Mn, Si, Al, K o S y una gran preponderancia en el área analizada de Fe y O junto con C.

Estos resultados están de acuerdo con los previamente descritos utilizando ICP-MS para la parte externa de la superficie de la roca (**P1Ext**, apartado 5.1.2), en los que se observó que algunos elementos estaban enriquecidos con respecto a la roca madre en la que se observa la deposición, y esos elementos son precisamente el Ca, Mn, As y Pb detectados por SEM-EDX. Lo que refuerza la idea previamente mencionada de que se está dando un enriquecimiento de elementos sobre la superficie de la roca, probablemente como producto de la deposición de material debido a las diferentes crecidas que inundan periódicamente la superficie de las rocas en Berrocal.

Además, los resultados obtenidos mediante el análisis por SEM-EDX para **P1** son similares a las observaciones realizadas por microscopía electrónica de algunos barnices de roca estudiados en la literatura (Dorn, 2007, apartado 2.3).

5.3 Similitudes y diferencias de las muestras rocosas. Comparación con otras muestras ambientales

Para ver lo similares o diferentes que son las muestras rocosas del Origen con respecto al revestimiento de Berrocal, se realizó un análisis PCA de los resultados obtenidos por ICP-MS de las muestras **Hem**, **Mag**, **Ror** y **P1** (figura 25).

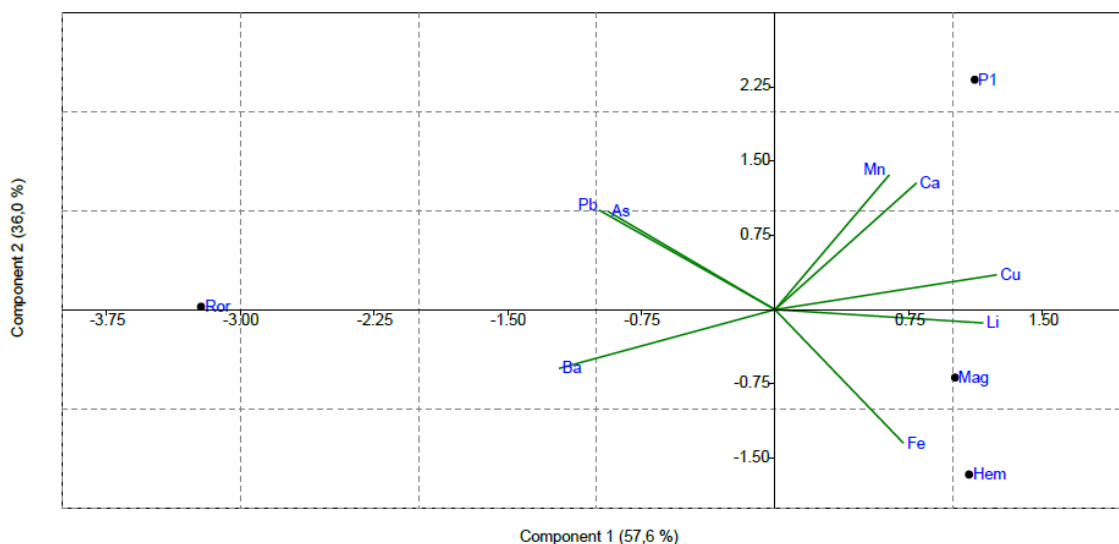


Figura 25: PCA de las muestras rocosas de Río Tinto caracterizadas por ICP-MS. Puede observarse que **Hem** y **Mag** quedan agrupadas en un mismo cuadrante, algo lógico dado que son parte de la misma unidad litoestratigráfica y muy separadas de **P1**. **Ror** queda alejado del resto de muestras (parte izquierda del gráfico) aunque en una posición intermedia entre **P1** y **Hem** y **Mag** teniendo en cuenta el primer componente. Las líneas verdes indican el vector de tendencia que sigue cada elemento en los diferentes datos utilizados y qué elementos tienen mayor influencia en cada muestra.

En **P1** se tuvo en cuenta únicamente la parte externa de la roca de Berrocal, ya que es en esa capa donde podrían encontrarse los microorganismos activos en el sistema. Se observa claramente que las muestras de Origen quedan separadas claramente de la muestra de Berrocal así como de la muestra **Ror**. También se observa que el manganeso y el calcio tienen una buena correlación con **P1** y el hierro con las muestras **Hem** y **Mag**. En cambio el plomo, arsénico y bario tienden a correlacionarse con la muestra **Ror** y el cobre y el litio con **P1**, **Hem** y **Mag**. De hecho hay que destacar la fuerte correlación negativa del bario con **P1**, sobre todo teniendo en cuenta el bajo enriquecimiento en Ba descrito en barnices de tipo V (Macholdt et al., 2017). Teniendo en cuenta que el Ba está subenriquecido en **P1**, esta es una observación que podría apoyar que el revestimiento de **P1** sea considerado como un barniz de roca de tipo V (apartado 2.3.3.5).

Para estudiar el enriquecimiento de elementos de nuestras muestras con respecto a muestras similares de barnices de roca descritos (Macholdt et al., 2017), se compararon entre sí con el fin de averiguar si existía algún tipo de enriquecimiento en alguno de los elementos principales, calculando para ello un cociente de abundancia de los elementos con respecto al valor promedio de la corteza continental superior, la UCC (apartado 4.4), comparación habitualmente utilizada en estudios de barnices de roca (ej. Thiagarajan and Lee, 2004; Macholdt et al., 2015; Macholdt et al., 2017).

Los resultados de los cociente muestran que nuestras muestras no están especialmente enriquecidas con respecto de la UCC, salvo en el caso del litio, el plomo, el cobre y el vanadio (excepto en la muestra **Ror**) y con elementos característicos en barnices de roca como el manganeso, estroncio o bario. Estos elementos están subenriquecidos en nuestro caso respecto a otros tipos de barnices de roca, con cocientes muy bajos (figura 26). Las concentraciones de calcio sí coinciden con las observadas en barnices de roca, ya que suele ser un elemento subenriquecido comparado con la UCC.

Para clarificar las similitudes y diferencias de nuestras muestras con los barnices de roca de la literatura comparadas en la figura 26, se realizó un análisis de componentes principales (Figura 27), el cual parece reflejar una mayor similitud de nuestras muestras con barnices de roca tipo V. Es preciso indicar que tanto nuestras muestras como la de otros barnices de roca se sitúan muy distanciados de los nódulos de manganeso de los fondos oceánicos, reflejándose en el PCA las diferencias en la formación de los nódulos respecto de los barnices de roca.

Tal y como se realiza en el trabajo de clasificación de barnices de roca de Macholdt et al., 2017, nuestras muestras se representaron utilizando distintos cocientes: Al/Ni vs. Mn/Ba por un lado (figura 28-A) y Mn/REY (elementos traza más itrio) vs. Mn/Ba (figura 28-B) por otro. Estos cocientes permiten diferenciar distintos tipos de barnices de roca, facilitando su clasificación, por lo que complementan los análisis realizados anteriormente (consultar la tabla 22 del apéndice C para una información detallada de los cocientes).

	Muestra / UCC
XXX	+ 50
XXX	10 - 50
XXX	1 - 10
XXX	0,5 - 1
XXX	0 - 0,5
ND	No determinado

[illegible]

75

roca descritos en la literatura (las nomenclaturas son las mismas a las utilizadas en la figura 26). Las líneas verdes indican la tendencia que sigue cada elemento en los diferentes datos utilizados y qué elementos tienen mayor influencia en cada muestra.

La representación de los cocientes de las muestras del Origen no se pudo realizar en el caso del Al/Ni vs. Mn/Ba (figura 28-A) al no haberse determinado la cantidad de Ni en el análisis por ICP-MS. Sin embargo, sí pudo representarse en el caso del Mn/REY vs. Mn/Ba, mostrando que quedan alejadas de los barnices de roca descritos por Macholdt et al., 2017.

Es interesante remarcar en la figura 28-B que las muestras de la zona del Origen quedan muy alejadas de las muestra de roca de Berrocal y de los análisis de barnices de roca de Macholdt et al., 2017, reflejando esta observación junto con las características observadas *de visu* en el campo, el análisis por SEM-EDX, la mineralogía, la composición de elementos, la abundancia de los elementos y la comparación del enriquecimiento o subenriquecimiento con respecto a la UCC y a barnices de roca en la literatura, que las muestras del Origen pueden considerarse como películas de hierro depositadas sobre la superficie de las partículas rocosas, algo lógico teniendo en cuenta que es el punto de la cuenca de río Tinto donde existe mayor concentración de hierro (Amils et al., 2014), enmascarando al resto de elementos.

En cuanto a la muestra **P1** las evidencias fisicoquímicas que se muestran indican que es diferente a la deposición observada en la zona del Origen y con valores que se asemejan a los encontrados en barnices de roca en la literatura (figura 28). También, como se ha comentado anteriormente (apartado 5.2.2), se observaron en el SEM evidencias de sedimentos dispuestos parcialmente en capas, con una textura diferente al resto de la roca. Estas estructuras en **P1** se asemejan a observaciones microscópicas de barnices de roca descritas en la literatura.

Es interesante observar el hecho de que los barnices de roca de tipo V queden clasificados por exclusión de los otros cuatro tipos de barnices según Macholdt et al., 2017. En su trabajo argumentan que debido a la gran influencia hídrica de este tipo de muestras no quedan agrupados en una única área en las representaciones de los cocientes, pero poseen suficientes características químicas y morfológicas similares que las diferencian del resto de barnices, sugiriendo que la fuente del origen del barniz se encuentra en la composición química del agua circundante donde se ubican las muestras (Macholdt et al., 2017).

Dadas las características de extrema acidez del río Tinto, poco habituales de un sistema acuoso, **P1** puede representar un caso extremo de barniz tipo V. La influencia hidrológica de la cuenca del río y su acidez queda reflejada en la extremadamente baja concentración de elementos como Mn, Ca, Sr o Ba con respecto a la UCC y a los distintos barnices de roca descritos (figura 26-27-28).

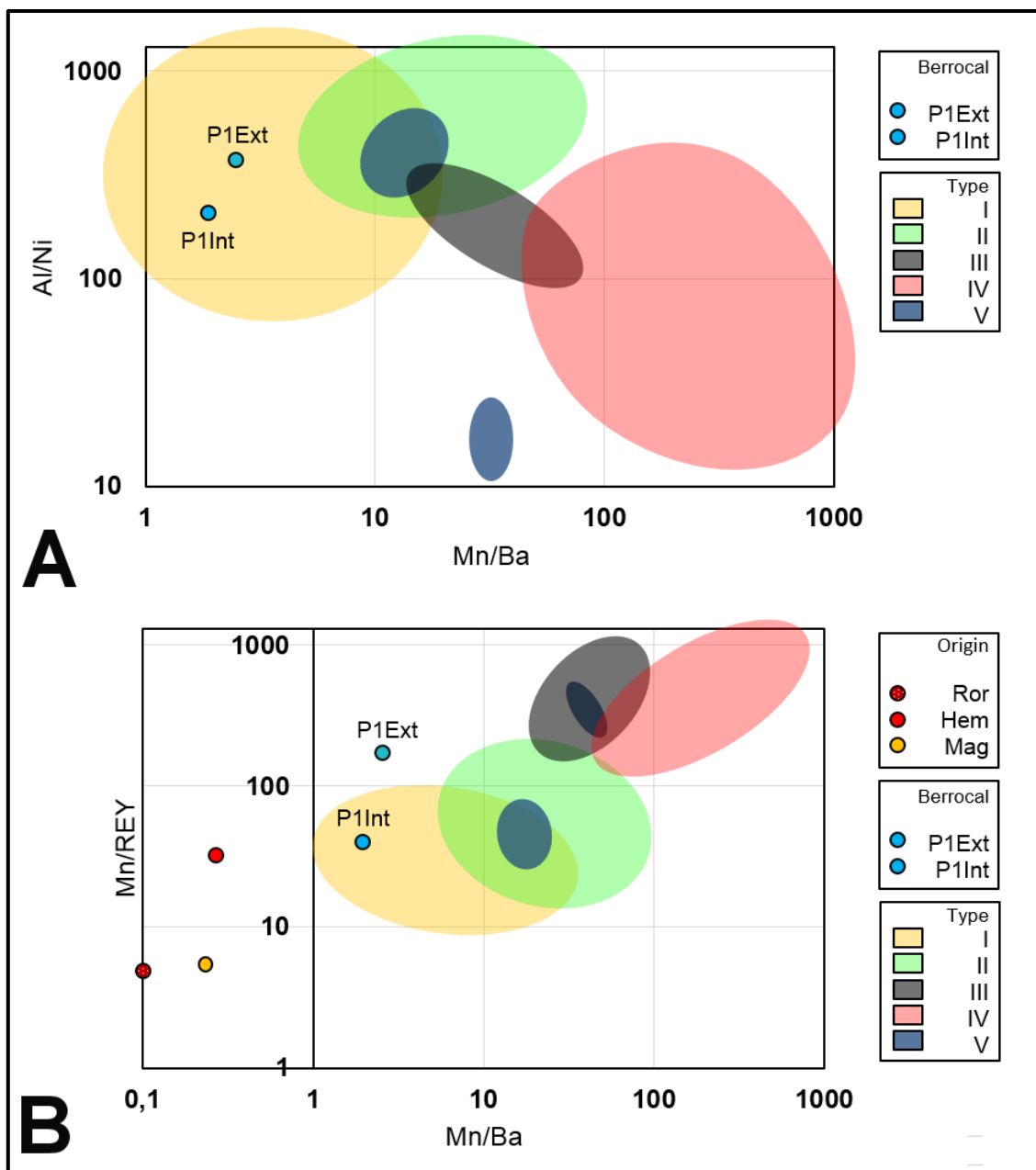


Figura 28: Representación de los cocientes Al/Ni vs. Mn/Ba (A) y Mn/REY vs. Mn/Ba (B) de las muestras rocosas (puntos de colores). Las áreas de colores representan las ubicaciones de los valores de muestras caracterizadas como barnices de roca tipo I (amarillo), II (verde), III (gris oscuro), IV (rosa) y V (azul), tal y como se especifica en Macholdt et al., 2017. Hay que tener en cuenta que los barnices de tipo V en la gráfica corresponden a dos tipos de muestras diferentes de barniz tipo V analizadas por estos investigadores. En A) las muestras rocosas de la zona del Origen no pudieron representarse al no disponer de la concentración de Ni. En la muestra de Berrocal, **P1, se diferencia la parte externa (**P1Ext**) y la parte interna (**P1Int**) ya que se detectaron diferencias significativas en algunos elementos (para mayor información de estas diferencias, revisar la figura 17, apartado 5.1.2). Mientras que en A) ambas muestras se engloban dentro del barniz tipo I, en B) la muestra **P1Ext** queda fuera de todas las agrupaciones obtenidas por Macholdt et al., 2017.**

Al igual que otros barnices de roca de tipo V, su clasificación dentro del gráfico depende de la química que posee el barniz, sobre el cual las condiciones químicas del agua influyen en su composición, de ahí que no queden agrupados los barnices de roca tipo V en una única área.

El Mn oxidado es un elemento típico en barnices de roca, pero en condiciones ácidas se disuelve con mayor facilidad (Nijjer et al., 2000) lo que dada la evidente menor cantidad de Mn en el sistema de estudio puede llegar a dificultar la formación y detección de óxidos e hidróxidos de este tipo.

En el caso de los elementos Ca, Sr y Ba todos ellos pertenecientes al grupo de los alcalino-térreos y sus hidróxidos, las sales de hidróxidos de cationes de los elementos alcalinos y del ión amonio son solubles en agua, a diferencia de otros tipos de hidróxidos como el $\text{Fe}(\text{OH})_3$, lo que puede explicar el porqué de la baja cantidad de estos elementos en **P1**⁴. Aunque el Ba correlaciona negativamente con la muestra **P1**, el Ca sin embargo se correlaciona positivamente (figura 25), lo que podría deberse a la acción biológica, aún bajo condiciones ácidas extremas, tal y como ya se ha demostrado en experimentos de laboratorio (Sánchez-Román et al., 2014).

No obstante, es interesante remarcar que en **P1Ext** se observa con respecto a **P1Int** una mayor cantidad del Mn, Ca o Ba (figura 17-B; apartado 5.1.2), cuyos valores en algunos casos son bastante llamativos, lo que junto con las observaciones del SEM (apartado 5.2.2.1), refuerza la idea de una acumulación de este tipo de elementos sobre la superficie de la roca **P1**, lo que refuerza su candidatura a barniz de roca dadas las características observadas y con al menos una indirecta influencia biológica en la presencia mayor de estos elementos en **P1Ext**.

Una posible explicación para las diferencias encontradas en los elementos comentados en el párrafo anterior podría ser que la parte externa se haya depositado más recientemente y por lo tanto pueda tener mayor cantidad de los elementos que han podido depositarse al evaporarse el agua que moja la roca, aunque los lavados por el agua ácida del río al incidir sobre la roca puede provocar que algunos elementos se eliminen si no están anclados a la matriz, lo que contrasta con los barnices de roca de los desiertos, con una clara tendencia de acumulación de material debido a la falta de agua que pueda lixiviar los elementos presentes.

Otra explicación podría deberse a la actividad microbiana, que pudiera favorecer la deposición de dichos elementos tal y como se ha comentado antes con el calcio (Sánchez-Román et al., 2014; Bohu et al., 2016) o bien que la presencia de microorganismos creciendo activamente pudiera favorecer indirectamente la deposición gracias a la adsorción de cationes en sus paredes y membranas celulares (Silhavy et al., 2010).

⁴ Valor de solubilidad del $\text{Ba}(\text{OH})_2 > \text{Sr}(\text{OH})_2 > \text{Ca}(\text{OH})_2$ en el agua a una presión de 1 atm entre 10°C y 40°C; <https://srdata.nist.gov/solubility/index.aspx>.

5.4 Análisis isotópicos

Dadas las características mineralógicas y de elementos químicos presentes en las diferentes muestras de roca, se decidió realizar un análisis isotópico tanto en las muestras de la unidad litoestratigráfica del Origen (**Hem** y **Mag**) como en la muestra de roca **P1**, con el fin de detectar similitudes y diferencias en la cantidad de nitrógeno y carbono total presente en las mismas y determinar el impacto que pudiera tener la composición de las muestras en las posibles comunidades microbianas presentes en ellas o bien si estas comunidades pudieran influir en la química y mineralogía de las muestras (apartado 4.4).

Los datos isotópicos del $\delta^{15}\text{N}$ y $\delta^{13}\text{C}$ obtenidos de las muestras **Hem**, **Mag** y **P1** reflejan por un lado una clara diferencia entre las dos muestras del Origen respecto de **P1** (figura 29), algo que podría ser debido por la diferente localización de las muestras (Origen *versus* Berrocal), ya que son lugares con características fisicoquímicas muy diferentes (apartado 4.1). Los valores de $\delta^{13}\text{C} / \delta^{12}\text{C}$ obtenidos (tabla 23, apéndice C) indican que puede tratarse la materia orgánica como un producto de deposición sedimentaria (Vitoria et al., 2004).

La relación C / N, en **Hem** es de 5,5 que es más de 2 veces superior a la relación calculado para **Mag** y **P1**, los cuales son mucho más similares entre sí (2,1 y 2,4 respectivamente). Situándose **P1** en una posición intermedia a las muestras del Origen, aunque más próximo al ratio calculado para **Mag** (figura 30 y tabla 23, apéndice C), lo que refleja una importante pérdida de nitrógeno en la muestra **Hem** ya que la mayor cantidad de materia orgánica presente en la muestra no va acompañado de un incremento proporcional a la cantidad de nitrógeno presente en la misma, algo que es compatible con la idea de un cambio redox en la unidad litoestratigráfica (Godfrey and Falkowski, 2009), apoyando los análisis isotópicos los resultados mineralógicos observados para estas muestras (apartado 5.1).

Como veremos más adelante, los resultados bioinformáticos de la inferencia metabólica realizada con el software Piphillin a partir de los datos de secuenciación también apoyan las observaciones comentadas sobre el N, con la desnitrificación como ruta metabólica principal en el metabolismo del nitrógeno, lo que podría explicar la pérdida de nitrógeno observado en **Hem** (apartado 5.6.3.2).

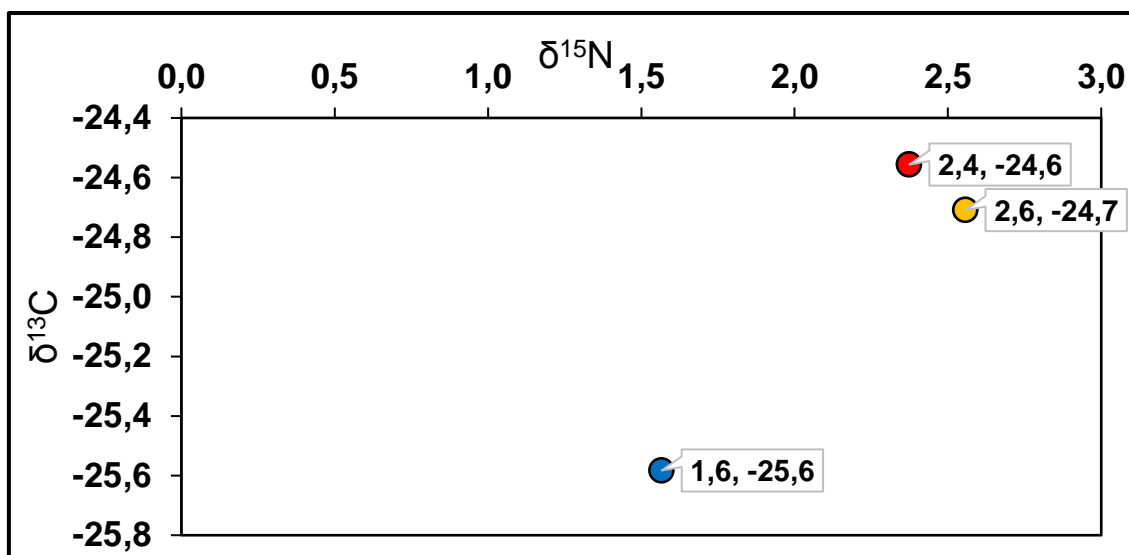


Figura 29: Valores de $\delta^{15}\text{N}$ y $\delta^{13}\text{C}$ (indicados en los recuadros de cada punto) de las muestras **Hem** (punto rojo), **Mag** (punto amarillo) y **P1** (punto azul).

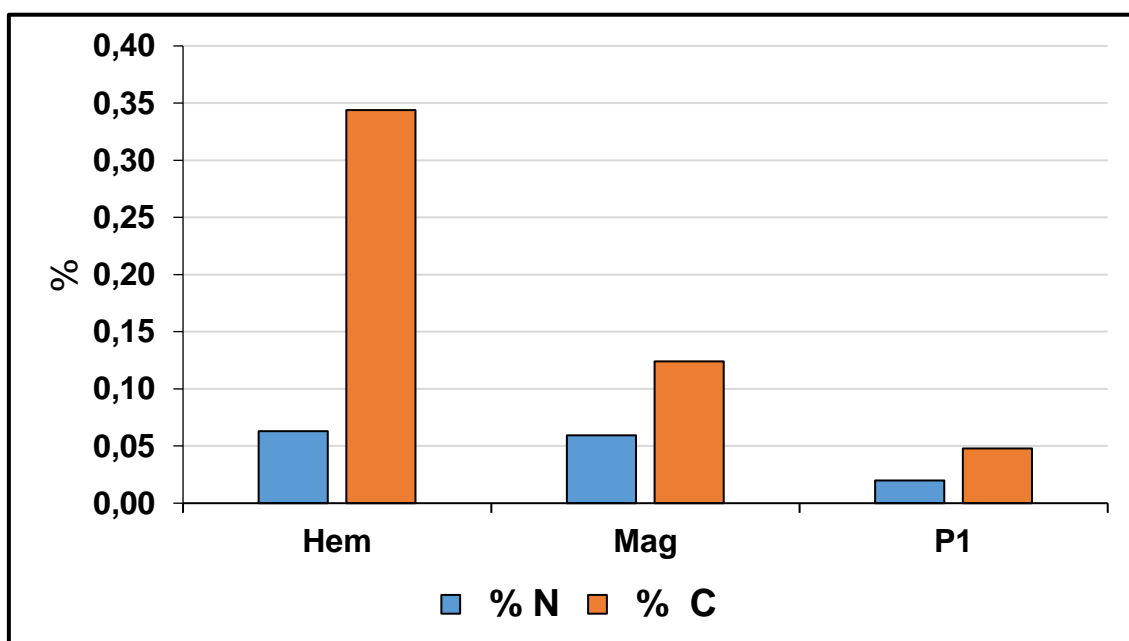


Figura 30: Abundancia total de N y C en las muestras **Hem**, **Mag** y **P1**. Se observa una gran cantidad de materia orgánica en **Hem** respecto **Mag** y **P1**; sin embargo, las muestras del Origen poseen una cantidad de nitrógeno mayor.

5.5 Extracción de ADN

Para estudiar la caracterización de la diversidad de las comunidades microbianas que puedan estar presentes en las muestras, se han aplicado

distintas técnicas de extracción de ADN con el fin de seleccionar el método más eficiente (tabla 17).

Esta optimización es consecuencia de las dificultades intrínsecas para extraer ADN de muestras enriquecidas en hierro y metales pesados, la baja biomasa inherente a este tipo de muestras y la poca cantidad de material disponible de las muestras seleccionadas dada su naturaleza, lo que se convierte en un reto para obtener una cantidad de ADN suficiente y de calidad para una correcta amplificación y posterior secuenciación (Direito et al., 2012).

Se aplicaron cuatro metodologías diferentes utilizando las muestras de la unidad litoestratigráfica del Origen (**Hem** y **Mag**). Se decidió utilizar estas muestras ya que son similares a las muestras **Ror** y **P1** en mineralogía y composición elemental a diferencia de los sedimentos y además porque se disponía de una mayor cantidad de material, ya que en las muestras **Ror** y **P1** la extracción de material de los revestimientos sobre la roca no permitieron obtener más de 5 gramos de material en total, que debió ser dedicado no sólo a la caracterización biológica, sino también a los análisis de XRD, ICP-MS e isótopos, lo que limitó severamente su utilización en pruebas de optimización.

Tabla 17: Resultados de las extracciones de DNA usando diferentes metodologías.

Métodos aplicados	Parámetros	Hem	Mag
Fenol-Cloroformo-Alcohol isoamílico	[ADN] ng/ul	0,28	0,18
	A260 / A280	1,01	1,03
	A260 / A230	0,36	0,36
Tampón-XS	[ADN] ng/ul	2,69 [1]	1,71 [1]
	A260 / A280	1,35	1,35
	A260 / A230	0,48	0,33
PowerSoil DNA Isolation Kit	[ADN] ng/ul	12,20	1,57
	A260 / A280	1,94	0,56
	A260 / A230	0,55	0,53
P/EtOH + PowerSoil DNA Isolation Kit	[ADN] ng/ul	[2]	[2]
	A260 / A280		
	A260 / A230		

[1]: Se observó un color rojizo al final de la extracción, especialmente en **Mag**.

[2]: Se formaron precipitados durante el proceso de incubación con P/EtOH.

En términos generales el PowerSoil DNA Isolation Kit generó resultados significativamente mejores respecto a las otras técnicas empleadas, como la modificación del protocolo PowerSoil DNA Isolation Kit de Direito et al., 2012, lo que refleja de alguna manera la gran dificultad en el tratamiento de estas muestras (tabla 17).

De hecho para la muestra **Mag** con el fin de obtener ADN suficiente para amplificar y secuenciar, fue necesario realizar la extracción un total de tres veces utilizando hasta 1,5 gramos de muestra con el fin de obtenerse resultados fiables para la secuenciación Sanger, a diferencia de **Hem** que con 0,5 g de material fue suficiente, algo que puede estar en consonancia con la menor disponibilidad de material orgánico detectado en esta muestra en los análisis isotópicos (apartado 5.4).

Dados los resultados obtenidos (tabla 17), se consideró que el PowerSoil DNA Isolation Kit sin modificaciones era la mejor opción para utilizar en las muestras ambientales. En el caso de los cultivos, se obtuvo un buen resultado utilizando el método del tampón-XS. De hecho, dos de las tres muestras de cultivos (DG + S⁰ de **Hem** y **Mag**) que han podido ser satisfactoriamente secuenciadas el ADN fueron extraídas con esta metodología.

5.6 Caracterización de la biodiversidad

Se aplicaron distintas técnicas para la caracterización de la biodiversidad de las muestras con el fin de obtener resultados complementarios que permitan identificar aquellos resultados apoyados por metodologías independientes (apartado 4.5). Las técnicas empleadas fueron por un lado la secuenciación de las muestras ambientales utilizando dos métodos de secuenciación diferentes: Sanger (apartado 4.5.5) para los sedimentos del margen del río en Berrocal, cuya diversidad ya es conocida por trabajos precedentes (Amils et al., 2014), y para las muestras **Ror**, **Hem** y **Mag** del Origen e ilumina (apartado 4.5.6) para las muestras consideradas más relevantes, las de la unidad litoestratigráfica del Origen (**Hem** y **Mag**) y la roca de Berrocal (**P1**), permitiendo además contrastar la información obtenida por secuenciación Sanger de las muestras **Hem** y **Mag**.

También se aplicó en las muestras **Berr**, **Hem**, **Mag** y **P1** la técnica de hibridación *in situ* fluorescente, CARD-FISH, con el fin de identificar y cuantificar los microorganismos presentes en las muestras, evitando los problemas de autofluorescencia de los minerales, y se obtuvieron cultivos de enriquecimiento con el fin de determinar los microorganismos capaces de desarrollarse en distintos medios, apoyando y ampliando los resultados de diversidad obtenidos a partir de la extracción y secuenciación del ADN de las muestras ambientales. Los microorganismos o grupos de microorganismos identificados utilizando distintas metodologías facilitan la selección de los elementos más importantes en el ecosistema, en nuestro caso facilitando la

comparación de las comunidades microbianas asociadas a los distintos tipos de roca analizados.

Combinando los diferentes resultados obtenidos se han desarrollado diferentes modelos geomicrobiológicos de las muestras de roca con el fin de entender su papel en los distintos ciclos biogeoquímicos que se desarrollan en los revestimientos de roca en un ambiente ácido extremo como es la cuenca del Río Tinto (figura 60-64, apartado 6).

5.6.1 Secuenciación del ADN

Las muestras de ADN secuenciadas mediante el método de Sanger (**Berr**, **Ror**, **Hem** y **Mag**) fueron amplificadas mediante PCR específicas usando los cebadores 27F y 1492R para Bacteria y 3F y 1492R para las Achaeta. En las PCRs sólo se observó amplificación positiva con los cebadores de Bacteria. Posteriormente se realizaron clonajes de los productos de PCR obtenidos y se secuenciaron los transformantes positivos, procediéndose a la identificación de los microorganismos clonados y a la realización de las oportunas curvas de rarefacción (apéndice F).

Con el fin de contrastar y obtener una información ecológica más completa de las comunidades microbianas de lo que puede aportar la secuenciación Sanger en las muestras **Hem** y **Mag** y sobre la limitada cantidad obtenida de la muestra de roca **P1**, se aplicó el método de secuenciación Illumina Mi-Seq. La selección de estas muestras para la secuenciación masiva se debió a que se consideraron las más interesantes a analizar por ser una unidad litoestratigráfica, **Hem** y **Mag**, que nos permitirá estudiar los cambios de composición microbiana en la superficie de las rocas a lo largo del tiempo y **P1** por ser su deposición sobre la roca un revestimiento muy diferente a las muestras del Origen.

Los cultivos de enriquecimiento desarrollados (apartado 4.5.8) también fueron secuenciados con Illumina Mi-Seq para su posterior análisis y comparación, excepto el cultivo DG de **P1** que se secuenció por Sanger (apartado 5.6.1.3.3).

Previo a su secuenciación por Illumina Mi-Seq, las muestras fueron analizadas por qPCR (figura 31-32) con el fin de asegurar que los resultados de secuenciación eran fiables y de utilidad para el recuento de abundancias (apartado 4.5.3). Es por ello que se incluyó un control negativo para contrastarlo con las muestras y eliminar los sesgos debido a la presencia de ADN contaminante en las muestras.

En el control negativo utilizado para las muestras ambientales, más del 80% de las lecturas de la secuenciación se clasificaron como γ -Proteobacteria, perteneciendo a los géneros bacterianos *Escherichia-Shigella*, *Enhydrobacter* y *Pseudomonas*.

En el caso de los cultivos de enriquecimiento, el control negativo fue muy similar al control negativo de las muestras ambientales, con más de la mitad de las secuencias identificadas como γ -Proteobacteria (Pseudomonadales, Oceanospirillales, Enterobacteriales) y como miembros de la familia de las Corynebacteriales Sphingomonadales y Lactobacillales.

Se pudo comprobar que los triplicados de las qPCR de las muestras ambientales generaron una amplificación mayor que el triplicado del control negativo (figura 31). La curva de amplificación de **P1** reflejó un valor aproximado de 10^4 copias de ARNr, en **Hem** un valor de 10^3 y en **Mag** reflejó un valor entre 10^2 y 10^3 copias de ARNr 16S por μ l de acuerdo a los estándares de las qPCR utilizadas en el laboratorio en el que se realizaron las secuenciaciones (apéndice, apartado E).

En el caso de los cultivos de enriquecimiento solo se pudieron analizar tres muestras: **Hem** y **Mag** DG + S⁰, cuyas extracciones se realizaron con el tampón-XS y **Berr** Fe⁺² + NH₄NO₃, cuya extracción de ADN se realizó con el kit de PowerSoil. Estas muestras pasaron el escrutinio de la qPCR (figura 32) y el resultado de la secuenciación se consideró satisfactorio con respecto a la comparación con los resultados obtenidos en el control negativo.

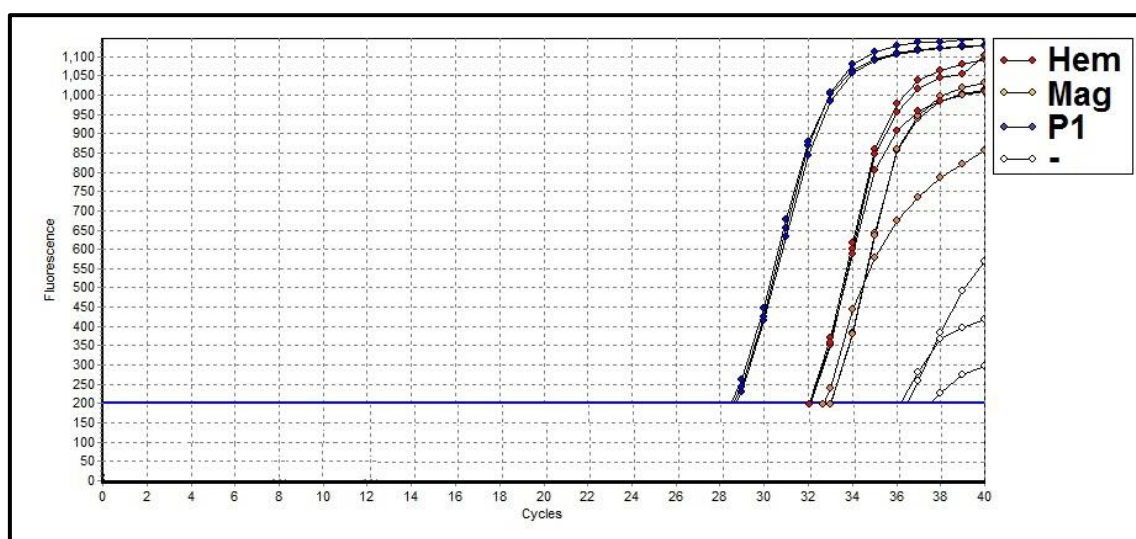


Figura 31: qPCR que muestra la amplificación revelada por fluorescencia de las muestras ambientales versus el número de ciclos realizados. En rojo, **Hem**; en amarillo, **Mag**; en azul, **P1**; en blanco, control negativo. La línea azul horizontal determina dónde el programa considera que comienza la amplificación exponencial de las muestras.

Se obtuvieron en torno a $3 \cdot 10^6$ de lecturas para cada una de las secuenciaciones Illumina para **Hem**, **Mag** y **P1**. Tras pasar los filtros bioinformáticos de calidad, quedaron un 32,7% de lecturas en **Hem** y un 14,7% en **Mag** que fueron procesados por QIIME para obtener la afiliación taxonómica de cada lectura y contrastarlo con la secuenciación del control negativo con el

fin de eliminar las lecturas presentes en éste (99875 lecturas en **Hem** y 48992 lecturas en **Mag**). En el caso de **P1**, se obtuvieron un 7,5% de lecturas tras pasar los diferentes filtros bioinformáticos de calidad y se obtuvo posteriormente la afiliación taxonómica de cada secuencia (18468 lecturas en total). Para una mayor información de los datos brutos de secuenciación, consultar el apartado G del apéndice.

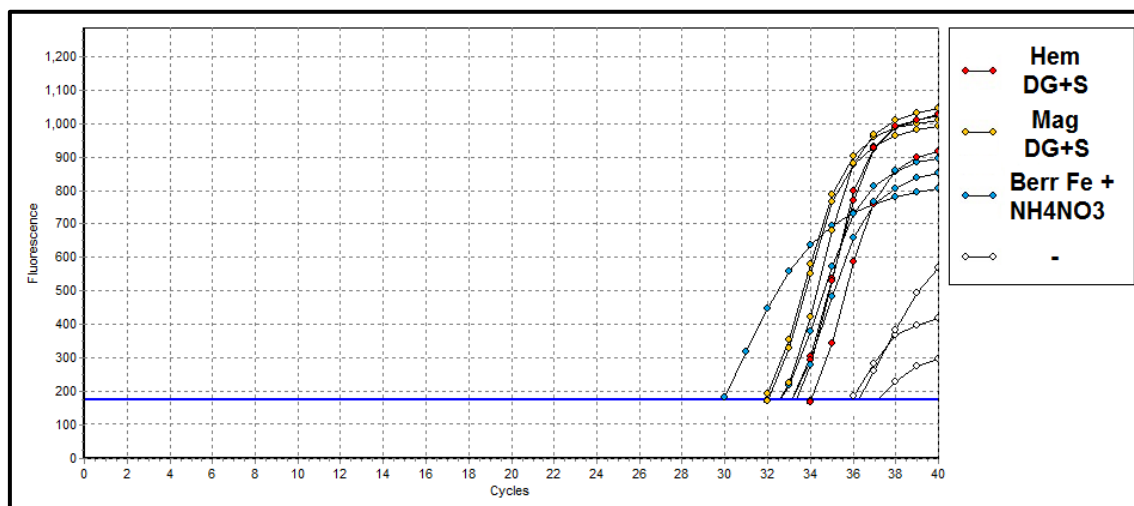


Figura 32: qPCR que muestra la amplificación revelada por fluorescencia de los cultivos de enriquecimiento versus el número de ciclos realizado. En rojo, cultivo DG + S^0 **Hem**; en amarillo, En rojo, cultivo DG + S^0 **Mag**; en azul, cultivo Fe^{+2} + NH_4NO_3 **Berr**; en blanco, control negativo. La línea azul horizontal determina dónde el programa considera que la amplificación exponencial comienza en las muestras.

5.6.1.1 Zona Origen. **Hem**, **Mag** y **Ror**

5.6.1.1.1 Muestra **Hem**

La secuenciación por Sanger reveló en **Hem** un total de 39 secuencias correctamente ensambladas. Las secuencias identificadas en **Hem** reflejan una diversidad de microorganismos mayor que la muestra **Mag** (apartado 5.6.1.1.2), entre las que destacaron secuencias de Actinobacteria (similares algunas de ellas en un 90-92% a *Aciditerrimonas*), Chloroflexi y Acidobacteria (secuencias similares a géneros como *Edaphobacter*, *Bryocella* y otras no clasificadas más allá del phylum), comunes en ambientes de suelos y rocas, entre ellas, los barnices de roca y las películas de hierro (Northup et al., 2003; Kuhlman et al., 2008; Marnocha et al., 2014). También se han detectado algunas secuencias pertenecientes a α -Proteobacterias (*Acidiphilium* sp.), β -Proteobacterias (secuencias similares en un 92-93% a los géneros *Ralstonia* y *Pseudomonas*) y una secuencia del phylum Planctomycetes (HEM30; figura 73, apéndice H; *Nostocoida*, JQ067914). También una secuencia desconocida (HEM39; figura 73; apéndice H) que ya había sido previamente identificada en trabajos

anteriores en Río Tinto (HM745453, González-Toril et al., 2011) y cuya búsqueda con RDP indica que se asemeja al phylum Firmicutes.

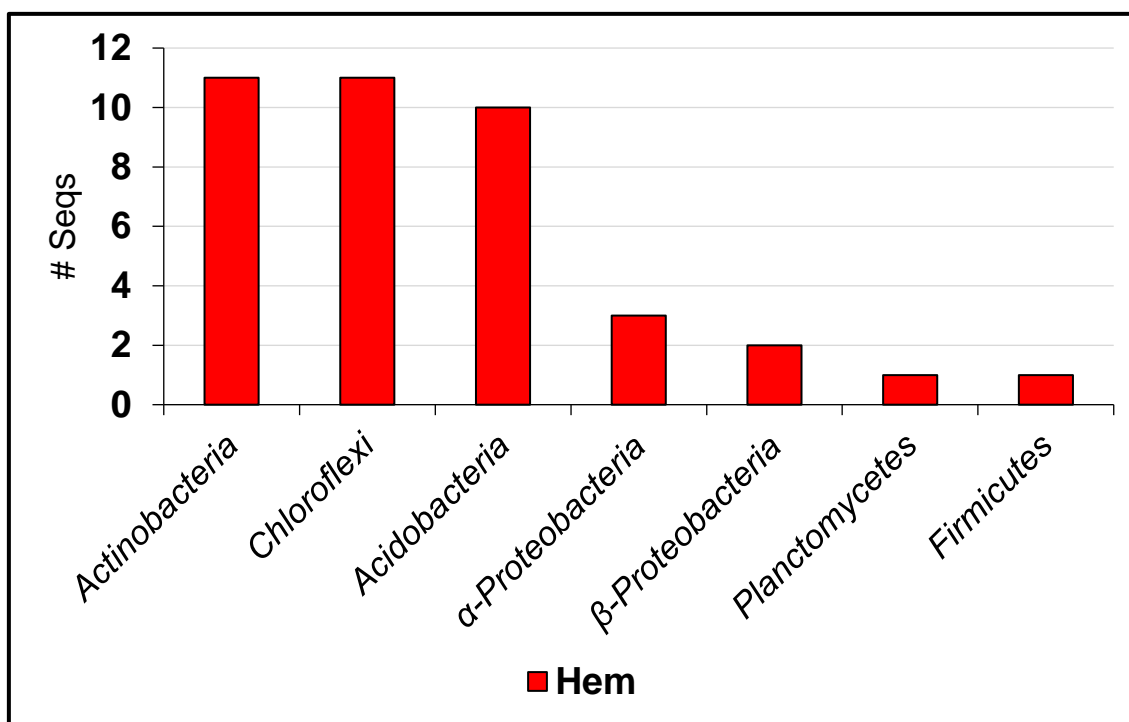


Figura 33: Grupos de secuencias identificadas por Sanger en Hem.

Es de interés remarcar que se han podido distinguir dos clases de secuencias diferentes en **Hem** dentro del phylum Chloroflexi, con una abundancia similar, lo que se pudo contrastar con el árbol filogenético de las secuencias mostrado en la figura 73, apéndice H (HEM1-11; HEM1-6 por un lado y HEM7-11 por otro lado) y en la figura 38, apartado 5.6.1.1.2, en la que se muestra el árbol filogenético obtenido con estas secuencias y con las secuencias de Chloroflexi identificadas mediante secuenciación Illumina en **Hem** y en **Mag** con el fin de comprobar la relación entre las mismas. La búsqueda por Blastn de los dos tipos de secuencias identificados por Sanger reflejó que ambas eran similares a la clase Ktedonobacteria (aunque con menos de un 90% de identidad), un linaje caracterizado por corresponder a microorganismos heterótrofos filamentosos y formadores de esporas en suelos (Cavaletti et al., 2006; Yokota, 2012).

Todas las secuencias Sanger obtenidas para la muestra **Hem** se agruparon en un árbol filogenético (figura 73, apéndice H y tabla 27, apéndice J) con el objetivo de corroborar los resultados del Blastn así como las relaciones de las diferentes secuencias identificadas por Sanger (10 OTUs en total) utilizando la base de datos del NCBI. La curva de rarefacción de la secuenciación Sanger de la muestra se puede consultar en la figura 67, apéndice F.

En la secuenciación Illumina Mi-Seq en **Hem** se obtuvieron un total de 99875 lecturas que pasaron los filtros de calidad y el escrutinio del control negativo. La curva de rarefacción de la secuenciación Illumina de la muestra se puede consultar en la figura 70, apéndice F.

Las secuencias identificadas revelaron una gran abundancia de los phyla Actinobacteria [30,05%], con diferentes miembros del orden de las Frankiales [6,15%] como *Acidothermus* [4,06%] y del orden Acidimicrobiales [0,53%]; miembros de la familia Sporichthyaceae [0,83%], Geodermatophilaceae (*Modestobacter* [0,002%]), orden Micrococcales [1,66%], Propionibacteriales (*Aeromicrobium* [0,44%]); Takashi AC-B11 [0,44%] y miembros de la familia de las Solirubrobacterales [2,66%] como *Conexibacter* [0,73%] o géneros como *Actinospica* [17,74%]; el phylum Bacteroidetes [26,30%], con el orden Flavobacteriales [11,31%], con microorganismos del género *Flavobacterium* [8,33%] y *Fluviicola* [2,98%]; el orden de los Sphingobacteriales [8,30%] con *Sedimentibacterium* [6,95%] o el grupo marino “NS11-12” [0,66%] y el orden de las Cytophagales [5,66%] con los géneros *Pseudarciella* [3,77%], *Cytophaga* [1%] y *Arcicella* [0,86%]; α -Proteobacteria [10,36%], entre los que destacan el orden de los Rhizobiales [5,51%] con géneros como *Bradyrhizobium* [1,43%], *Mesorhizobium* [0,13%], *Nitrobacter* [0,08%] y *Ochrobactrum* [0,07%]; géneros como *Acidiphilium* [2,37%], perteneciente al orden Rhodospirillales [2,71%], *Sphingomonas* [0,81%] o *Sphingopyxis* [0,38%] (pertenecientes al orden Sphingomonadales [1,87%]) y el orden Caulobacteriales [0,20%] con los géneros *Asticcacaulis* [0,12%] y *Caulobacter* [0,08%]; en las β -Proteobacteria [17,03%], con el orden Burkholderiales [5,90%] con miembros como *Polynucleobacter* [1,01%], *Acidovorax* [0,58%], *Herbaspirillum* [0,19%], *Rhizobacter* [0,16%], *Delftia* [0,04%], *Ralstonia* [0,03%], *Undibacterium* [0,03%], *Tepidimonas* [0,02%] y *Hermiimonas* [0,002%] y el orden de los Methylophilales [10,68%] y de los Nitrosomonadales [*Nitrosomonas*; 0,17%]; miembros de γ -Proteobacteria, en las que destacan los géneros *Acinetobacter* [0,19%] y *Azotobacter* [0,003%] (orden Pseudomonadales; 0,19%), el género *Metallibacterium* [1,08%], del orden Xantomonadales [1,73%] y algunas lecturas pertenecientes al género *Gilliamella* (orden Orbales; 0,65%). Y por último los phyla Chloroflexi [4,31%] y Acidobacteria [2,33%], componiendo estos microorganismos entorno al 85% de la diversidad observada en la muestra.

Se identificaron, aunque en muy baja cantidad, secuencias de diferentes miembros de las CPR, un grupo filogenético (superphylum) recientemente propuesto para que se denomine Patescibacteria (Hug et al., 2016; Parks et al., 2018) pero que en conjunto conformaron un nada despreciable 1,7% del total de lecturas identificadas en las que se incluyen las Parcubacteria [1,25%], Microgenomates [0,27%], Peregrinibacteria [0,15%], Berkelbacteria [0,01%], Gracilibacteria [0,01%] y Saccharibacteria [0,01%].

También se observaron secuencias pertenecientes a las δ -Proteobacteria [1,85%], a Firmicutes [0,42%] (con miembros pertenecientes a los órdenes Bacillales [0,37%] y Clostridiales [0,03%]), Microgenomates [0,27%],

Gemmatimonadetes [0,21%], Planctomycetes [0,17%], Verrucomicrobia [0,10%] y Archaea (Euryarchaeota [0,73%]) (figura 34) junto con un total de 3,71% del total de lecturas de la muestra **Hem** distribuidas en 17 secuencias que no pudieron ser inicialmente clasificadas por QIIME.

Aunque el análisis por CARD-FISH de la muestra **Hem** reveló una señal positiva con la sonda específica de Cyanobacteria, dado que no se obtuvo ningún tipo de amplificación utilizando una PCR específica y la única secuencia identificada inicialmente como Cyanobacteria resultó estar próxima filogenéticamente a secuencias de Actinobacterias, esta secuencia compuesta por 2 lecturas fue eliminada de los análisis de cálculo de abundancias.

Durante el procesado manual de los datos de secuenciación se observaron un total de 417 lecturas del phyla Fusobacteria correspondiendo a un 0,4% de las secuencias de esta muestra. Este phyla no se observó en el control negativo de la secuenciación, pero fue eliminado del análisis al tratarse de un grupo de microorganismos descritos como presentes en el tracto intestinal de animales y como contaminante común de PCRs (Bennett and Eley, 1993; Salter et al., 2014).

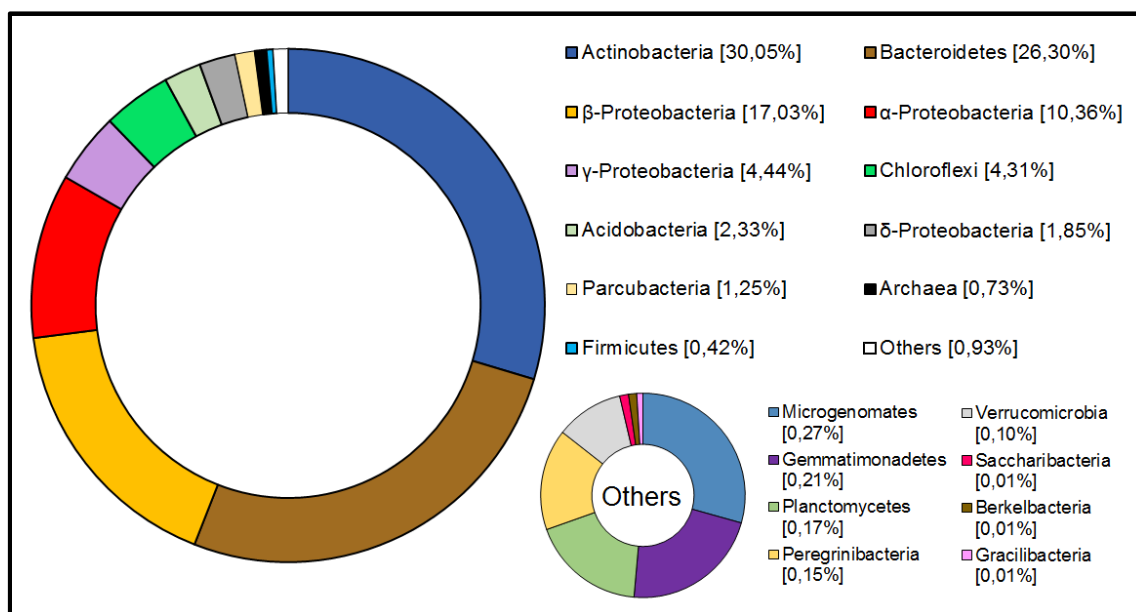


Figura 34: Abundancias relativas de diferentes phyla y clases en la muestra Hem obtenido mediante la secuenciación por Illumina.

Para averiguar la identificación más probable de las 17 secuencias no clasificadas por QIIME, se realizó un árbol filogenético mediante inferencia bayesiana con el fin de explorar el conjunto de árboles más probables que agrupe estas secuencias, junto con una búsqueda exhaustiva de cada secuencia utilizando las herramientas Blastn y RDP Seqmatch con el fin de darles una categorización taxonómica adecuada para realizar un cálculo

adecuado de las abundancias relativas de cada grupo microbiano (figura 35 y tabla 28, apéndice J).

El análisis reveló que un 35% de las secuencias fueron identificadas como Parcubacteria y otro 35% como Proteobacteria, clasificadas en diferentes clases (excepto una de ellas que no pudo ser identificada con la suficiente confianza). El resto de secuencias se identificaron como Actinobacteria, Planctomycetes, Cyanobacteria y Euryarchaea.

A nivel general habría que destacar una mayor diversidad en la muestra **Hem** que en las muestras **Mag** y **P1**, tanto a nivel taxonómico como metabólico. Entre ellos una gran presencia de Acidobacteria, Acidimicrobiales (conocidos en taxonomía por ser oxidadores de hierro; Stackebrandt et al., 1997), *Acidiphillium* (San Martin-Uriz et al., 2011) o *Acidovorax* (Chakraborty et al., 2011), también oxidadores de hierro; Frankiales o Rhizobiales (fijadores de nitrógeno), y numerosos heterótrofos (Bacteroidetes, Firmicutes, Actinobacteria, *Acinetobacter*, *Metallibacterium*...).

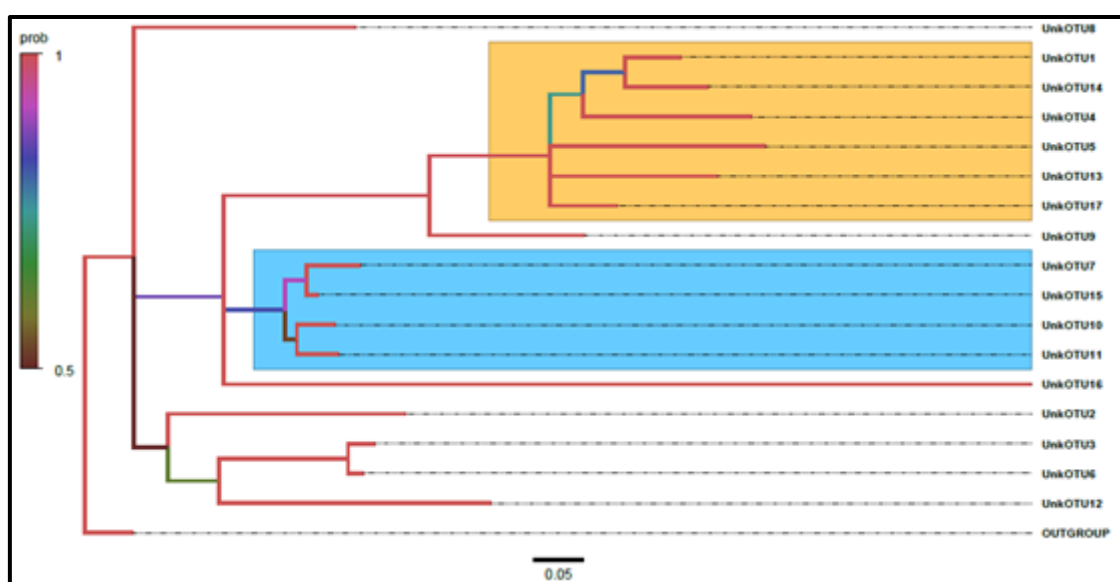


Figura 35: Análisis bayesiano de las secuencias desconocidas identificadas por Illumina en Hem. En azul las identificadas como Actinobacterias, en marrón las identificadas como Parcubacteria. Modelo de sustitución nucleotídica GTR+ λ (λ =0,460); Log-likelihood= -2667,0830; $f(A)$ = 0,2821; $f(T)$ = 0,2243; $f(C)$ =0,1894; $f(G)$ = 0,3042. Como outgroup se utilizó una secuencia 16S de *Escherichia coli* (Van de Peer et al., 1996).

Para finalizar con los datos de secuenciación de la muestra **Hem**, habría que hacer una mención especial a las bacterias CPR (Patescibacteria), un nuevo superphylum del árbol de la vida recientemente propuesto (Parks et al., 2018) y cuyos análisis metagenómicos revela un posible estilo de vida simbiótico, muchos de ellos implicados en la degradación de compuestos orgánicos y

algunos como las *Parcubacteria*, con capacidad potencial de reducción del nitrato (Castelle et al., 2018; Leon-Zayas et al., 2017).

Un total de 6 taxones CPR en la secuenciación por Illumina fueron identificados: *Berkelbacteria*, *Gracilibacteria*, *Microgenomates*, *Parcubacteria*, *Peregrinibacteria* y *Saccharibacteria*, estando exclusivamente presentes en la muestra **Hem**, excepto *Saccharibacteria*, que también se encontró en la secuenciación masiva de **P1** y *Parcubacteria* en el cultivo de enriquecimiento de **Mag**. Su abundancia, del 1,7%, permite pensar que tengan un papel importante en sintrofias metabólicas dadas las características de la comunidad en **Hem** con abundancia de degradadores de materia orgánica.

5.6.1.1.2 Muestra **Mag**

La secuenciación por Sanger sólo permitió obtener en la primera extracción de ADN realizada en **Mag** (denominada **Mag-1**) un total de 8 secuencias ensambladas (figura 36).

La identificación de las secuencias en **Mag-1** reveló que algunas pertenecen a *Streptococcus* y *Enterobacter* (MAG8 y MAG49-50; figura 75, apéndice H), microorganismos que son contaminantes comunes de la amplificación por PCR (Salter et al., 2014). Así que dada la poca fiabilidad y bajo número de lecturas obtenidas en esta primera extracción, se procedió a una nueva extracción de ADN, amplificación y clonaje, permitiendo obtener un mayor número de lecturas, principalmente del phylum Firmicutes (**Mag-2**). Para despejar cualquier tipo de duda sobre las secuencias y la calidad del ADN obtenido, se realizó una nueva extracción de ADN, amplificación y clonaje (**Mag-3**), obteniéndose en este caso un gran número de secuencias (> 40, figura 36). Las secuencias sospechosas de contaminación fueron excluidas para el posterior cálculo de abundancias relativas de cada OTU.

El análisis del Ji-cuadrado no reveló que la 2ª y 3ª extracción de la muestra **Mag** fueran significativamente diferentes (p-valor= 0,3075). Las curvas de rarefacción (figura 67, apéndice F) y la comparación de secuencias y OTUs entre **Hem** y **Mag** reflejan que la diversidad en **Mag** es menor que en **Hem**, por lo que estas diferencias podría deberse a un mayor secuestro del ADN por parte de los minerales presentes en la muestra **Mag**. Sin embargo, el hecho de encontrar mayores dificultades en la extracción de ADN, amplificación y clonaje en la muestra **Mag** con respecto a **Hem** podrían estar relacionadas con una menor cantidad de biomasa en **Mag** tal y como muestran los resultados isotópicos (apartado 5.4).

La mayoría de secuencias identificadas pertenecen al phylum Firmicutes (*Bacillus*, *Paenibacillus*). El segundo phylum más abundante fueron las Actinobacterias (*Aciditerrimonas*, *Ferrimicrobium* y otras que no pudieron clasificarse más allá del nivel de Phylum) y algunas secuencias de α , β y γ -Proteobacterias, correspondientes a los géneros *Methylobacterium*,

Sphingomonas, *Ralstonia* y *Enhydrobacter-Moraxella*, siendo estas últimas pertenecientes a la misma familia que *Acinetobacter* (Moraxellaceae) y que fueron abundantes en la secuenciación por Illumina.

Las secuencias de **Mag** fueron agrupadas en un árbol filogenético con el objetivo de corroborar los resultados del Blastn y las relaciones de las diferentes secuencias de cada OTU encontrado por Sanger utilizando las secuencias de la base de datos del NCBI. Dada las dificultades de ensamblar muchas de las secuencias obtenidas en las secuenciaciones Sanger de **Mag** con su correspondiente lectura reversa, se procedió a obtener dos árboles para confirmar los resultados del Blastn y comparar la agrupación de las lecturas, uno para las lecturas en una dirección y otro árbol filogenético con las lecturas reversas, e incluyendo en ambos árboles filogenéticos realizados las lecturas que sí fueron correctamente ensambladas por Pregap4/Gap4 (figura 74-75, apéndice H).

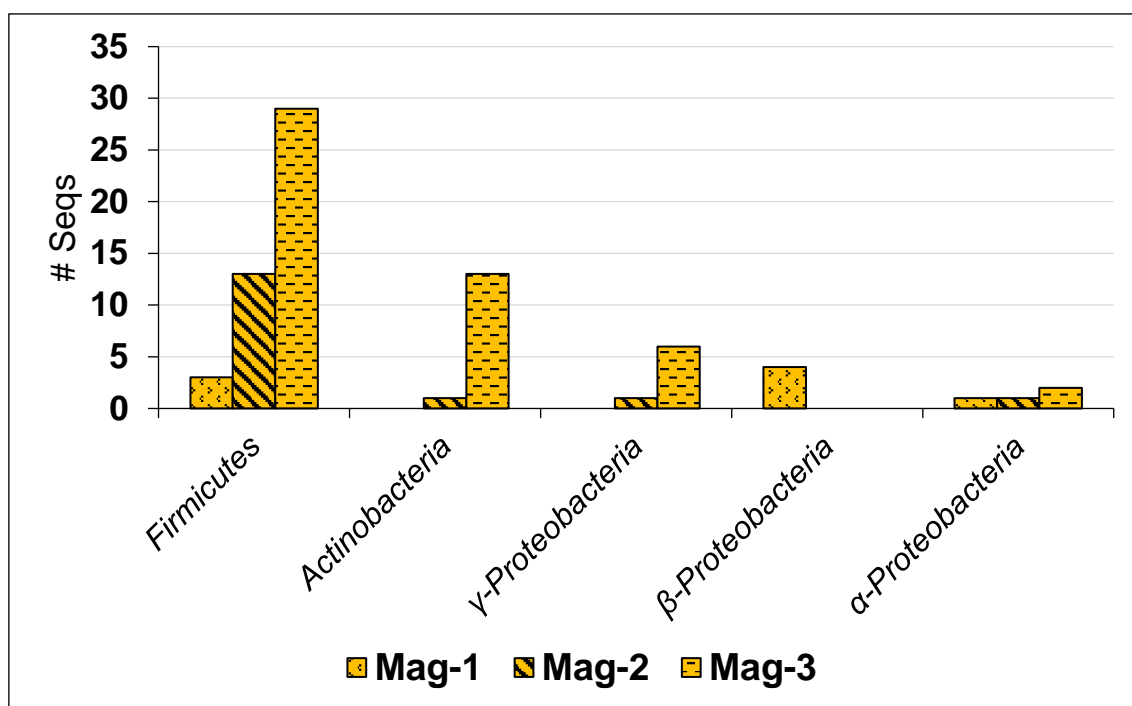


Figura 36: Grupos de secuencias identificadas por Sanger en la muestra Mag (Mag-1, Mag-2 y Mag-3: 1ª, 2ª y 3ª extracción realizadas).

Con una menor diversidad observada en la muestra **Mag** con respecto a **Hem** o **P1**, los principales grupos microbianos identificados en las 48992 lecturas de secuenciación Illumina Mi-Seq que pasaron los diferentes filtros bioinformáticos y del control negativo fueron (en orden de mayor a menor abundancia relativa): el phylum Actinobacteria [27,20%], con miembros de las Acidimicrobiales [21,72%], Micrococcales [2,62] y Frankiales [2,48%]; el dominio Archaea [20,88%] (género *Thermoplasma* [20,78%] y microorganismos del orden de los Methanosarcinales, como *Methanomethylovorans* [0,10%]); el

phylum Firmicutes [16,21%] (orden Bacillales [4,08%]; *Bacillus* [3,97%], *Staphylococcus* [0,11%] y orden Clostridiales [12,13%] con géneros, como *Clostridium* [3,75%], *Peptoniphilus* [2,85%], *Anaerococcus* [2,52%], *Paraclostridium* [1,45%], *Sulfobacillus* [1,30%] y *Fonticella* [0,19%]); las Proteobacteria (α [8,33%], β [2,56%], γ [16,16%]), destacando géneros del orden Rhizobiales [2,65%] como *Methylobacterium* [2,03%] y *Ochrobactrum* [0,36%]; en el orden Rhodospirillales [5,67%] con géneros como *Roseomonas* [5,16%] y *Skermanella* [0,51%] en α -Proteobacteria; *Herbaspirillum* [1,52%], *Ralstonia* [0,12%], *Delftia* [0,07%], *Tepidimonas* [0,05%], *Undibacterium* [0,01%] o *Acidovorax* [0,01%] en β -Proteobacteria (todas del orden Burkholderiales [2,56%]). En las γ -Proteobacteria: *Acinetobacter* [14,29%] y *Enhydrobacter* [0,025%] (orden Pseudomonadales [14,31%]); *Photobacterium* ([1,50%]; algunos capaces de ser bioluminiscentes, simbiontes de otros microorganismos y degradadores de carbohidratos complejos; Vezzi et al., 2005) y *Actinobacillus* [0,33%]; Chloroflexi [4,58%] y Bacteroidetes [4,08] (destacando el género *Capnocytophaga* [3,09%], encontrado en suelos glaciares; Li Yang et al., 2016), situándose todos estos phyla microbianos con al menos un 2% de abundancia relativa en la muestra (figura 37). Para obtener una mayor información acerca de la curva de rarefacción y la secuenciación masiva de esta muestra, ver la figura 71 del apéndice F y la tabla 25 del apéndice G respectivamente.

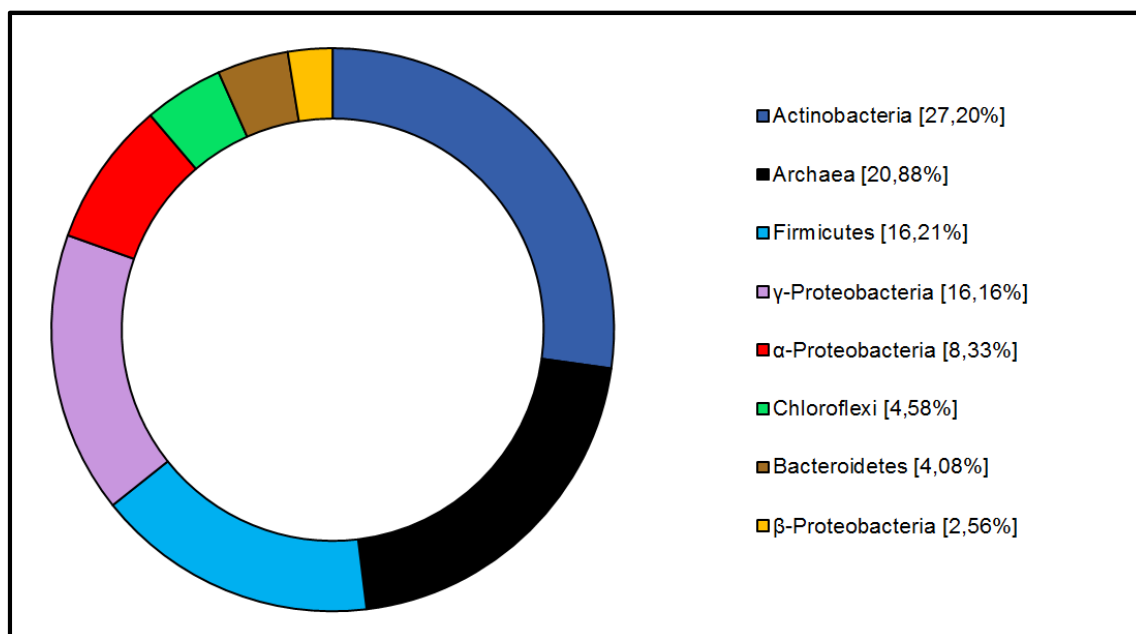


Figura 37: Abundancias relativas de diferentes Phyla y clases en la muestra Mag obtenidas mediante la secuenciación por Illumina.

Durante el procesado de la muestra **Mag** se observaron un total de 2399 lecturas clasificadas por la herramienta QIIME como Cyanobacteria / Chloroplast, representando un 4,67% del total de las lecturas de la muestra.

Dado que la PCR específica para Cyanobacteria no obtuvo amplificación y además la hibridación no reveló ninguna señal positiva de Cyanobacteria, se procedió a eliminar este resultado de los análisis. A diferencia de la muestra **Hem** y de la muestra **P1**, no se observaron secuencias sin identificar por QIIME.

Como ya se ha comentado en el apartado 5.6.1.1.1, se pudieron distinguir dos clases de secuencias en **Hem** por Sanger con una abundancia análoga para ambas lecturas y similares a Ktedonobacteria, aunque con menos del 90% de identidad. Para contrastar si las secuencias obtenidas por Illumina de **Hem** y **Mag** y las secuencias Sanger de **Hem** corresponden a las mismas secuencias de microorganismos se procedió a la construcción de un árbol filogenético de máxima verosimilitud con el fin de evidenciar las relaciones que presentan (figura 38).

Este análisis reveló la existencia de algunas secuencias con gran similitud a las obtenidas en **Hem** procedentes tanto por secuenciación Sanger como por Illumina, no sólo confirmando los dos tipos de secuencias de Chloroflexi observados por Sanger, sino que además se pudieron identificar 4 grupos claramente diferenciados filogenéticamente. Todas estas secuencias a su vez difirieron de las secuencias generadas en la muestra **Mag** por Illumina. Aunque la abundancia relativa de Chloroflexi en la secuenciación masiva en **Hem** y **Mag** fue similar (entorno al 4%), existe claramente una mayor diversidad de secuencias Chloroflexi en **Hem** que en **Mag**, algo que puede ser compatible con las observaciones generalizadas de las secuenciaciones entre las dos muestras.

Entre los microorganismos identificados en **Mag** cabría destacar la gran cantidad de microorganismos heterótrofos encontrados (*Thermoplasma*, *Bacillus*, *Sulfobacillus*, *Clostridium*, *Methylobacterium*, *Acinetobacter*), microorganismos fijadores de nitrógeno (en mayor abundancia que en **Hem**), microorganismos con capacidad de oxidar y/o reducir azufre como el género *Sulfobacillus* (Justice et al., 2014), el género *Clostridium*, o la familia de las Pepto(strepto)cocacceae (Castro et al., 2000; Petzsch et al., 2015) y metales pesados, del cual destaca el hierro (el phylum Actinobacteria, cuya mayoría de secuencias son de la clase Acidimicrobiales han sido descritos como oxidadores de hierro [Stackebrandt et al., 1997], así como géneros microbianos como *Ferroplasma* (Archaea), *Ralstonia*, *Acinetobacter* o *Roseomonas*)⁵ que indican de manera significativa que hay un fuerte acople metabólico del ciclo del azufre y, sobre todo, del ciclo del hierro con el ciclo del carbono en el ecosistema y con dependencia de otros microorganismos, lo que se traduciría con el paso del tiempo en la oxidación de la magnetita a hematita debido a la oxidación de Fe, tal y como observamos en la unidad litoestratigráfica (apartado 5.1.1).

⁵ Microorganismos como *Acinetobacter* o *Roseomonas* son capaces de oxidar / reducir ciertos metales pesados como Mn o As (Boswell et al., 2001; Bagade et al., 2016).

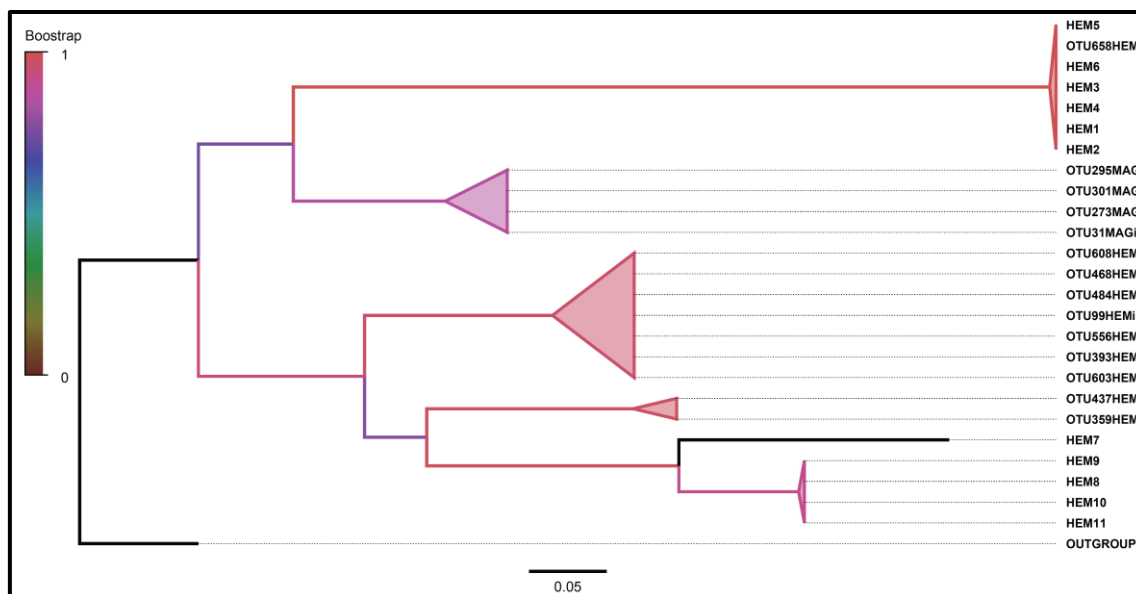


Figura 38: Árbol filogenético por máxima verosimilitud de las secuencias identificadas como *Chloroflexi* en Hem y Mag por Sanger (denominadas HEM) como por Illumina (denominadas OTUHEM u OTUMAG en función de la muestra de la que proceden y con una i al final del nombre). Se puede observar que las secuencias encontradas en **Mag forman dos grupos bien diferenciados del resto de las secuencias que han sido identificadas en **Hem**. En **Hem**, teniendo en cuenta los datos de Sanger e Illumina se observan 4 grupos claramente diferenciados. Topología: NNI; árbol inicial: BioNJ; modelo de sustitución nucleotídica GTR+ λ +I (λ =1,860; I=0,317); Log-likelihood= -1780,30635; f(A)= 0,22192; f(T)= 0,15849; f(C)=0,22961; f(G)= 0,38999. Como outgroup se utilizó una secuencia 16S de *Escherichia coli* (Van de Peer et al., 1996).**

5.6.1.1.3 Muestra **Ror**

En cuanto a la muestra de roca **Ror**, en un primer análisis (**Ror-1**) se obtuvieron por Sanger un total de 15 secuencias ensambladas de 96 (figura 39). Dado el bajo número de lecturas obtenidas, se procedió a una nueva extracción en la que se obtuvieron un total de 71 secuencias (**Ror-2**, figura 39). Las secuencias identificadas como *Chloroflexi* correspondieron a dos tipos diferentes, igual a lo encontrado en la secuenciación de **Hem**. También se identificaron dos tipos de lecturas de *Chlorophyta* en los análisis por Blastn.

La revisión de todas las lecturas reveló una secuencia identificada como *Streptococcus salivarius* (Ror71; figura 76, apéndice H y tabla 27, apéndice J) por lo que fue eliminada para los posteriores cálculos de abundancia.

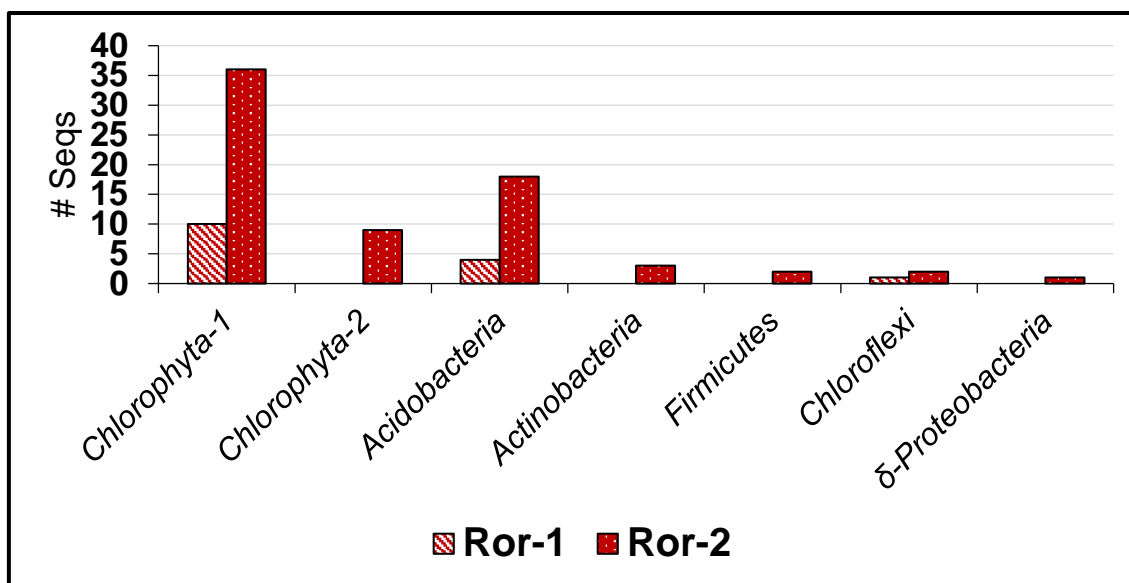


Figura 39: Grupos de secuencias identificadas por Sanger en la muestra Ror (1ª y 2ª extracción). La Ji-cuadrado no reveló diferencias significativas entre ambas extracciones

Las curvas de rarefacción (figura 68, apéndice F) muestran que los datos de la primera extracción no son representativos de la comunidad microbiana. Por esta razón se procedió a una segunda extracción de ADN, amplificación y clonaje que representara adecuadamente la diversidad existente en la muestra.

La identificación de la mayoría de secuencias, cuyas agrupaciones se confirmaron con un árbol filogenético (figura 76, apéndice H y tabla 27, apéndice J), indicó que Ror se caracteriza por corresponder a una comunidad microbiana potencialmente fotótrofa (Chloroflexi, Ror69, 70 y 85 similares a las secuencias de **Hem**; y especialmente Chlorophyta, Ror24-68; figura 76, apéndice H), aunque un análisis en detalle refleja que Ror85 pertenece al phylum Armatimonadetes. Dado que los cebadores 27F y 1492R utilizados son genéricos, no puede saberse con certeza si las secuencias de Chlorophyta obtenidas provienen de cloroplastos algales o corresponden a secuencias del phylum Cyanobacteria, microorganismos que en ambos casos han sido identificados en el ambiente ácido extremo de Río Tinto (Aguilera et al., 2004; Puente-Sánchez et al., 2018).

Aunque se realizó una PCR utilizando cebadores para la amplificación específica de Cyanobacteria en todas las muestras, únicamente se obtuvo resultado positivo en la muestra **Ror** (figura 66, apéndice D) obteniéndose dos grupos de secuencias con un porcentaje de identidad del 93% con muestras ambientales del desierto de Utah (EU751426, EU751583) y la filosfera de bosques templados (KU219399). Estos resultados únicamente nos permite confirmar la presencia de organismos fotosintéticos en la muestra **Ror**.

También se observaron secuencias de Acidobacteria (Ror1-18, 73, 75, 81, 83; figura 76, apéndice H y tabla 27, apéndice J), que pueden dividirse en 2

OTUs diferentes y que se asemejan a Acidobacterias de suelos; secuencias de Actinobacteria (Ror19, 21 y 22; figura 76, apéndice H y tabla 27, apéndice J), todas con un porcentaje de similitud del 89-91% a secuencias del orden Acidimicrobiales; una secuencia adicional de Firmicutes diferente de la secuencia de *Streptococcus salivarius* encontrada (Ror23; figura 76, apéndice H y tabla 27, apéndice J), perteneciente al orden de los Bacillales (similar a *Alicyclobacillus*) y una secuencia de δ -Proteobacteria (Ror20; figura 76, apéndice H y tabla 27, apéndice J).

Los resultados obtenidos con la muestra **Ror** vienen a respaldar las observaciones realizadas en las muestras de la unidad litoestratigráfica del Origen que claramente muestran que conforme aumenta el estado de oxidación del sistema, aumenta la diversidad microbiana, apareciendo microorganismos que están ausentes en las condiciones menos oxidantes.

5.6.1.2 Zona Berrocal

5.6.1.2.1 Muestra **Berr**

Dada la similitud química, mineralógica y de los microorganismos encontrados, las tres muestras de sedimentos se trataron como una única muestra. En este caso 3 OTUs diferentes fueron identificados mediante el Blastn dentro de las γ -Proteobacteria: *Acidithiobacillus ferrooxidans* (30 lecturas en total; Berr4, 7-8, 11, 16, 19-20, 23, 28, 30-32, 37, 39-41, 43, 48, 50, 52, 54, 56, 59-60, 62, 64-65, 70-72), *Metallibacterium scheffleri* (10 lecturas; Berr5-6, 9-10, 12-13, 21, 25, 33, 35) y las 26 lecturas del tercer OTU correspondieron a secuencias de la familia Sinobacteraceae (Berr3, 14, 17-18, 22, 27, 29, 34, 36, 38, 42, 44-47, 49, 51, 53, 57-58, 61, 63, 66-69) con un rango de identidad entre el 94% y el 97% capaces de degradar moléculas orgánicas complejas (Fahrback et al., 2008) y de utilizar el nitrato como aceptor de electrones pudiendo acoplarlo a la oxidación de hierro (Straub et al., 2003; Ho et al., 2017).

Los otros 3 OTUs identificados con una menor abundancia fueron *Leptospirillum* sp. (Berr01-02); Acidobacteria, similar en un 97% de identidad a *Edaphobacter* (Berr15 y 26) y Firmicutes clasificados dentro del orden de los Clostridiales, cercanos en un 98% de identidad a *Clostridium* (Berr24 y 55). En la figura 40 se pueden observar los grupos de secuencias identificados, en la figura 77, apéndice H y tabla 27, apéndice J, se puede consultar la información del árbol filogenético realizado con los grupos de secuencias obtenidas (Berr) y en la figura 69, apéndice F, la curva de rarefacción obtenida.

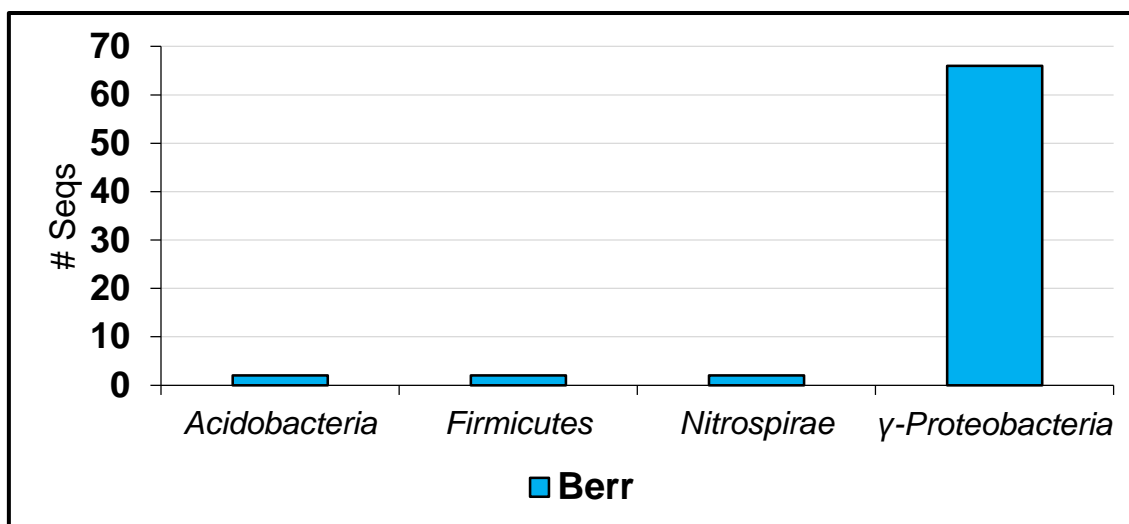


Figura 40: Grupos de secuencias Sanger identificadas en los sedimentos de Berrocal (Berr).

Las características metabólicas de los diferentes microorganismos identificados refleja un activo ciclo del hierro en los sedimentos del margen del río, en el que *Acidithiobacillus ferrooxidans* es el principal microorganismo oxidador y reductor de hierro (confirmado por hibridación). La presencia de las secuencias de *Leptospirillum* involucrado en la oxidación del hierro apoya la importancia del ciclo del hierro en la muestra. La presencia de *Metallibacterium*, un microorganismo versátil presente en ambientes ácidos de minas, es particularmente interesante ya que es formador de biofilms y para su crecimiento en cultivo requiere caseína proteolizada, un requerimiento nutricional basado en la degradación de péptidos gracias a la secreción de numerosos tipos de exoproteinasas codificadas en su genoma. También es capaz de reducir el ión férrico (Ziegler et al., 2013; Bartsch et al., 2017).

No es de extrañar la presencia de Firmicutes del orden Clostridiales, ampliamente detectado en trabajos anteriores en la cuenca del río Tinto (Sánchez-Andrea et al., 2011, 2012) lo que puede reflejar la presencia de material orgánico que está siendo consumido acoplado con la oxidación y/o reducción del azufre. Dada la actividad proteolítica de *Metallibacterium* y de miembros de los phyla Firmicutes y Bacteroidetes y de la clase γ-Proteobacteria, como *Acinetobacter*, que se conoce que su capacidad degradadora de biopolímeros complejos (Toren et al., 2001; Elifantz et al., 2005,) es razonable sugerir que la acumulación de material orgánico en el margen del río permite a *Metallibacterium* y los microorganismos detectados utilizar la materia orgánica como fuente de carbono y energía.

Sería preciso remarcar que la utilización de los aminoácidos por los microorganismos acumulados en el margen del río generaría la producción de amonio, tal y como sucede en cultivos de laboratorio con *Metallibacterium* (Bartsch et al., 2017). El cambio de pH local en el biofilm producto resultante de

la actividad metabólica permite a *Metallibacterium* disponer de un mecanismo adaptativo a las condiciones ácidas que imperan en la columna de agua (Nancucheo and Johnson, 2010; Bartsch et al., 2017). Junto con Acidobacterias, Firmicutes y otros microorganismos identificados por hibridación, como *Acidiphilium* sp. (apartado 5.6.4; figura 82, apéndice L), implicado en el ciclo del hierro mediante la oxidación de materia orgánica utilizando el ión férrico como aceptor de electrones, estarían otros microorganismos oportunistas alimentándose de la degradación de la materia orgánica de los productores primarios, impulsando la ecología microbiana del ecosistema.

5.6.1.2.2 Muestra **P1**

En la secuenciación Illumina Mi-Seq de **P1**, se obtuvieron un total de 18468 lecturas tras pasar los diferentes filtros bioinformáticos de calidad y del escrutinio del control negativo. Para mayor información de la secuenciación de la muestra y para observar la curva de rarefacción obtenida, consultar la tabla 25 del apéndice G y la figura 72 del apéndice F respectivamente.

La diversidad observada, intermedia entre **Hem** y **Mag**, reveló la presencia (en orden de mayor a menor abundancia) de los phyla Firmicutes [53,19%] (con la identificación en el orden Bacillales [9,50%] de los géneros *Staphylococcus* [2,29%], *Bacillus* [2,10%], *Geobacillus* [1,08%], *Ammoniphilus* [0,48%], *Abiotrophia* [0,20%] y en el orden Clostridiales [41,59%] a los géneros *Sulfobacillus* [29,39%], *Anaerococcus* [16,50%], *Finegoldia* [3,22%], *Peptococcus* (familia Peptococcaceae) [1,20%], *Ezakiella* [0,84%], *Peptoniphilus* [0,74%] *Sedimentibacter* [0,66%] y *Clostridium* [0,006%]); Proteobacteria (clases α [11,68%], β [0,63%], γ [11,33%]), con miembros en las α -Proteobacteria del orden de las Caulobacteriales (*Caulobacter* [1,90%]), orden Rhizobiales [2,63%], con los géneros *Methylobacterium* [1,60%] y *Pelagibacterium* [0,55%] y *Ochrobactrum* [0,27%]; Rhodobacteriales [1,19%] (*Rubellimicrobium* [1,13%], *Paracoccus* [0,16%]); Rhodospirillales [4,85%] (*Roseomonas* [2,27%], *Acidiphilium* [1,19%], *Craurococcus* [0,88%]) y el orden Sphingomonadales (*Sphingomonas* [1,13%]).

En las γ -Proteobacteria [11,33%] podemos encontrar a *Marinomonas* [2,72%], *Lysobacter* [1,10%], *Aeromonas* [0,56%], *Acidithiobacillus* [0,51%], *Photobacterium* [0,35%], *Actinobacillus* [0,005%] pero sobretudo lecturas correspondientes al género *Acinetobacter* [5,65%], un género encontrado en estudios de barnices de roca y en el desierto de Atacama, lo que puede indicar que sea un miembro importante en la formación de barnices (Kulhman et al., 2008; Azúa-Bustos, 2018; Ren et al., 2019). En cuanto al phylum Actinobacteria [10,81%], se identificaron secuencias pertenecientes al género *Iamia* [0,11%], del orden Acidimicrobiales [0,11%]; al género *Rhodococcus* [0,77%], del orden Corynebacteriales; a los géneros *Paeniglutamicibacter* [5,08%] y *Arthobacter* [0,19%], pertenecientes al orden Micrococcales [6,40%]; el género

Nocardioides, del orden Propionibacteriales [0,19%]; *Prauserella* (orden Pseudonocardiales [0,04%]), *Streptomyces*, orden Streptomycetales [0,83%] y miembros del orden Gaiellales, clase Thermoleophilia [0,92%]; en el phylum Bacteroidetes [7,46%] se identificaron secuencias pertenecientes al orden Bacteroidales [4,67%], Sphingobacteriales [1,33%], Cytophagales [0,82%] y Flavobacteriales [0,62%] (género *Capnocytophaga* [0,62%]). Todos estos microorganismos constituyen más de 85% de la biodiversidad detectada en la muestra. Cerca de un 2% de lecturas corresponden al dominio Archaea (género *Ferroplasma* [1,85%]). También se observaron lecturas de Nitrospira (todas de *Leptospirillum* [0,49%]), β -Proteobacteria [0,93%] (todas del orden Burkholderiales con la identificación de los géneros *Ralstonia* [0,11%], *Delftia* [0,08%], *Aquabacterium* [0,02%], *Herbaspirillum* [0,01%] y *Undibacterium* [0,01%]) y δ -Proteobacteria [0,07%] y Saccharibacteria [2,13%], un miembro de las CPR (figura 41).

Un 2,54% del total de lecturas distribuidas en 34 secuencias no pudieron ser identificadas por QIIME en **P1**, por lo que se procedió a obtener un árbol filogenético con inferencia bayesiana para la identificación más probable de las secuencias junto al análisis individual de cada secuencia por Blastn y RDP Seqmatch. Todas las lecturas fueron identificadas como Actinobacteria, excepto una de ellas que fue identificada como un Firmicutes (género *Dethiosulfatibacter*), quedando muy alejada respecto del resto de secuencias no identificadas (figura 42 y tabla 28, apéndice J).

Durante el procesado manual de los datos de la secuenciación, un 4,6% de las lecturas fueron clasificadas por la herramienta bioinformática QIIME como Cyanobacteria / Chloroplast, pero ni la PCR específica de Cyanobacteria ni la hibridación revelaron una señal positiva de su presencia en la comunidad microbiana, por lo que estos resultados fueron eliminados en el cálculo de abundancias relativas.

También hay que indicar que 3310 lecturas, que representarían un 14,8% del total de lecturas en **P1**, se identificaron dentro del género bacteriano *Fusobacterium*. Por el mismo motivo comentado anteriormente en la muestra **Hem**, se procedió a eliminar estas secuencias de los cálculos de análisis de abundancia relativa.

Se puede observar que en la muestra **P1** hay algunos microorganismos detectados en **Hem** y otros detectados en **Mag**, lo que indica que la composición y diversidad microbiana de **P1** se sitúa entre las dos, hecho que posteriormente ha sido confirmado (apartado 5.6.2 y 5.6.3). Teniendo en cuenta que las características de la ubicación de **P1** son completamente distintas a las de la unidad litoestratigráfica del Origen. Una posible explicación factible podría estar en las crecidas estacionales del cauce del río, las cuales aportarían junto con partículas orgánicas e inorgánicas microorganismos procedentes del río y de los sedimentos a la vez que se eliminarían por arrastre la presencia de otros, restableciendo parcialmente la comunidad microbiana del ecosistema.

En la figura 47 (apartado 5.6.2) se muestra que la composición microbiana de **P1** es claramente más semejante a **Mag**, una comunidad microbiana que no está madura al no haber tenido los microorganismos el tiempo suficiente para realizar los cambios geoquímicos que permiten un aumento de la complejidad en el ecosistema.

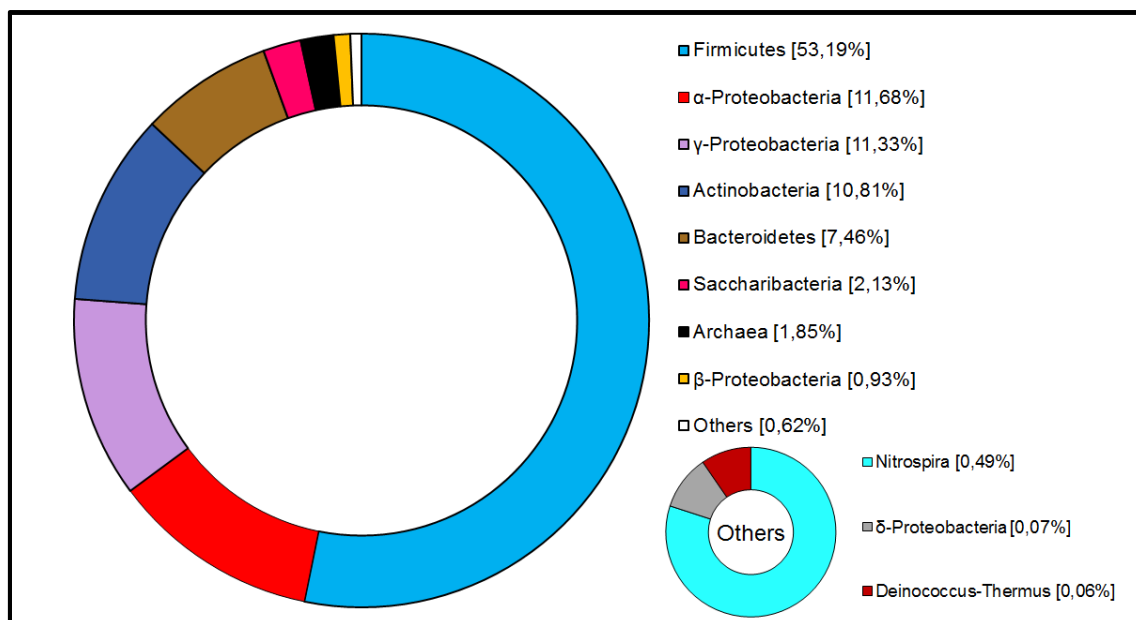


Figura 41: Abundancia relativa en la muestra P1 obtenida por Illumina.

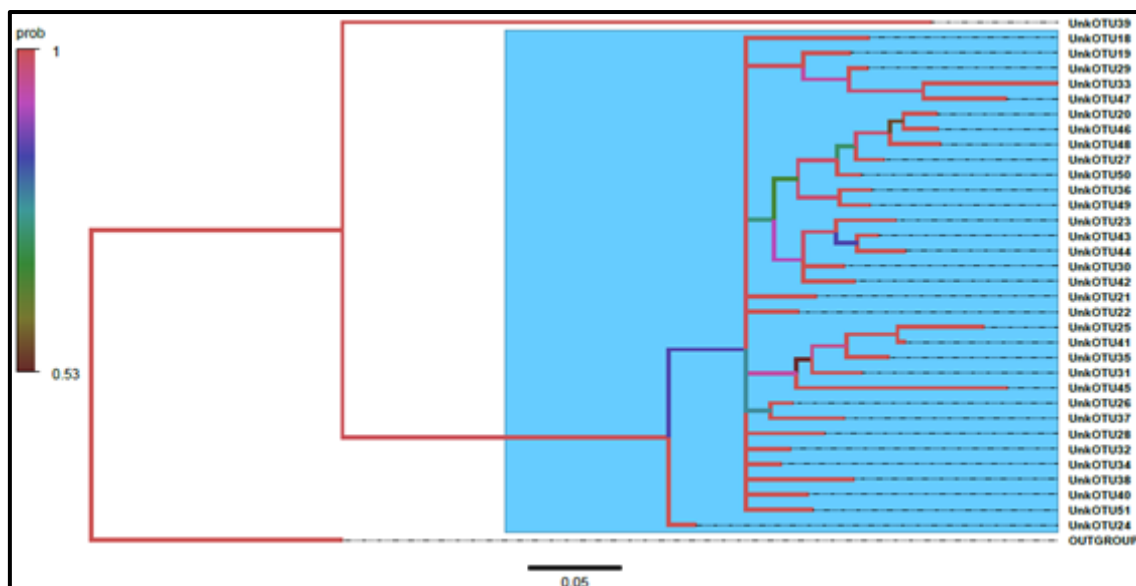


Figura 42: Árbol de análisis bayesiano realizado para la agrupación de las secuencias no identificadas en la muestra P1. En azul las secuencias identificadas como Actinobacteria forman un único clado. UnkOTU39 fue identificado como un Firmicutes (*Thermodesulfobacteria*) con una abundancia total relativa del 0,33 % en P1. Modelo de sustitución nucleotídica utilizado GTR+λ (λ =0,5250; I=0,3460); Log-likelihood= -2148,8046; f(A)= 0,2708; f(T)= 0,2304; f(C)=0,1378; f(G)= 0,3609. El

outgroup es una secuencia 16S de *Escherichia coli* (procedente de Van de Peer et al., 1996).

5.6.1.3 Cultivos de enriquecimiento

Los resultados de secuenciación por Illumina Mi-Seq obtenidos a partir de tres cultivos anaerobios: muestra **Berr**, utilizando el medio $\text{Fe}^{+2} + \text{NH}_4\text{NO}_3$ y muestras **Hem** y **Mag** utilizando el medio $\text{DG} + \text{S}^0$, y que han superado los requisitos de la amplificación en la qPCR y comparación con el control negativo confirmaron la presencia de algunos de los microorganismos encontrados en las muestras ambientales.

Para mayor detalle de los datos de secuenciación de los cultivos de enriquecimiento, consultar la tabla 25, apéndice G.

Los índices de diversidad de Shannon de los cultivos anaerobios mostraron valores entre 2 y 3, mientras que las muestras ambientales fueron mayores (cerca de 4 o superiores), algo lógico dado que la diversidad que se puede observar es menor en un cultivo de enriquecimiento ya que se favorece por la composición del medio el desarrollo selectivo de algunos tipos de microorganismos. En el caso del cultivo aerobio DG de **P1** no es posible comparar de manera fiable la diversidad al haberse realizado con una técnica de secuenciación diferente a los tres cultivos anaerobios mencionados.

En términos generales los resultados de la secuenciación de los cultivos de enriquecimiento apoyan los resultados obtenidos mediante la secuenciación de las muestras ambientales, y como veremos más adelante en el apartado 5.6.4, apoyan los resultados mediante la utilización de técnicas de hibridación sobre las muestras ambientales.

5.6.1.3.1 Cultivo $\text{Fe}^{+2} + \text{NH}_4\text{NO}_3$ (**Berr**)

De los tres cultivos anaerobios analizados por secuenciación masiva este cultivo tiene la riqueza ($S=27$), diversidad ($H'=2,24$) e índice de Pielou ($J'=0,679$) más bajas (figura 43). Las secuencias de γ -Proteobacteria [80,30%] identificadas corresponden al género *Acinetobacter* (orden Pseudomonadales) que se encuentra con mayor o menor frecuencia en las diferentes muestras estudiadas. Las secuencias que fueron identificadas como β -Proteobacterias [13,07%] correspondieron al orden de las Burkholderiales, relacionadas con los géneros *Ralstonia* [1,49%], *Undibacterium* [0,75%] (identificadas en otras muestras), y con *Paucibacter* [1,12%], no identificada en las muestras ambientales.

Con respecto a las α -Proteobacterias [3,83%] y Firmicutes [2,80%], destacaron las secuencias identificadas dentro del orden de las

Sphingomonadales [3,36%] y Rhodospirillales (género *Roseomonas* [0,47%]) por un lado y secuencias del orden Clostridiales [2,24%] (*Clostridium* [1,59%], *Anaerococcus* [0,65%]) por el otro lado, siendo todas ellas secuencias identificadas en las muestras ambientales del área de Berrocal (**Berr** y **P1**).

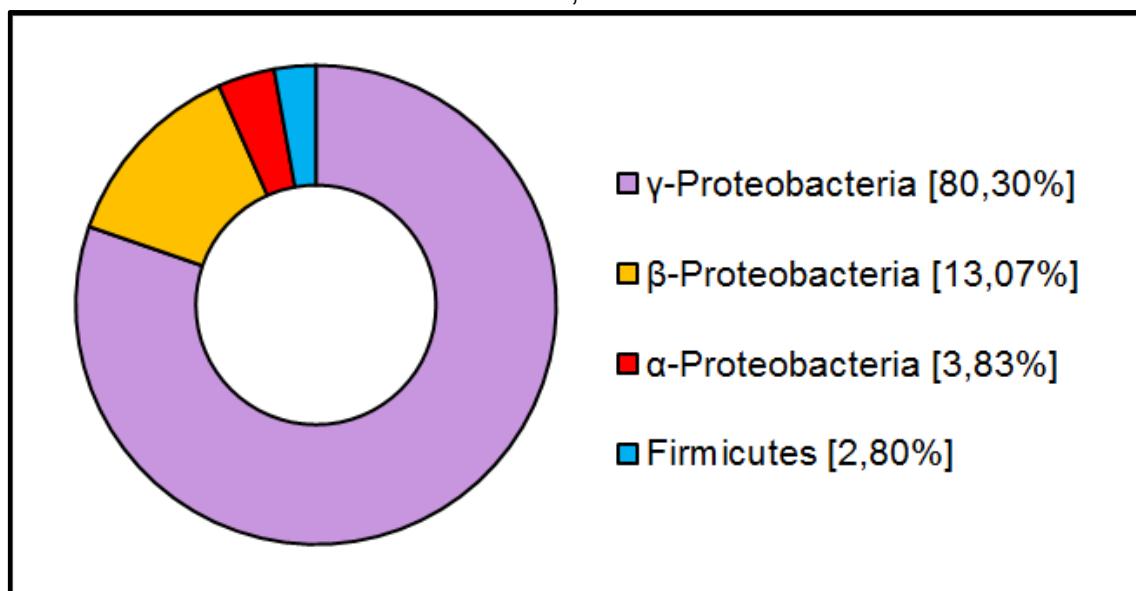


Figura 43: Abundancia relativa de grupos microbianos en el cultivo de enriquecimiento de la muestra **Berr** en el medio $Fe+NH_4NO_3$ mediante secuenciación Illumina.

5.6.1.3.2 Cultivo DG+S⁰ (**Hem** y **Mag**)

El mayor número de OTU de las tres secuencias (S=83) se obtuvo en la muestra **Hem** con un $J'=0,697$, aunque con una diversidad inferior a la del cultivo **Mag** ($H'=3,08$; figuras 44 y 45).

De los principales taxones identificados en el cultivo **Hem** (figura 44), destacan los Firmicutes [53,13%], con secuencias del orden Clostridiales [45,13%] de los géneros *Fonticella* [29,75%], *Clostridium* [5,81%], *Paraclostridium* [3,92%], *Peptoniphilus* [1,96%], *Sporotomaculum* [1,36%], *Desulfotomaculum* [1,28%] y *Sedimentibacter* [0,98%], correspondiendo algunos a miembros de las familias Pepto(strepto)cocacceae; en el phylum de las α-Proteobacterias [18,79%] se detectaron secuencias del orden Rhizobiales [6,11%], del género *Methylobacterium* [6,11%] (detectados en las muestras ambientales de **Mag** y **P1** pero no en **Hem**); del orden Rhodospirillales [10,55%] el género *Roseomonas* [9,13%] y *Acidiphillum* [1,36%]; del orden Sphingomonadales [1,35%] se identificó el género *Sphingobium* [0,90%] y del orden Caulobacteriales, el género *Caulobacter* [0,68%]; en las γ-Proteobacteria [10,33%], todas del orden Pseudomonadales con secuencias de *Acinetobacter*

[9,58%] y algunas secuencias de *Pseudomonas* [0,75%], relacionadas con ambientes extremos; en β -Proteobacteria [1,74%], todas las secuencias identificadas son del orden Burkholderiales, con los géneros *Ralstonia* [0,38%], *Ccomamonas* [0,38%] y *Delftia* [0,23%]. También se observaron secuencias de δ -Proteobacteria [4,30%].

En el dominio Archaea [7,62%] aparte de las secuencias de *Ferroplasma* [5,88%] y *Thermoplasma* [1,21%] el cual se identificó también en la muestra ambiental **Mag**, también se identificó una secuencia como Woesearchaeota [0,53%], no identificada en ninguna de las muestras ambientales ni observada en otros cultivos secuenciados. También se identificaron algunas secuencias de Chloroflexi [1,96%] que coinciden con las obtenidas en las muestras ambientales **Hem** y **Mag**, revelando la presencia ubicua en el sistema de estudio de este phylum aunque en porcentajes que no les confiere ser miembros principales de los ecosistemas analizados pero que pueden indicar un papel importante en el mantenimiento de las diferentes comunidades microbianas estudiadas. También se encontraron secuencias pertenecientes al phylum Actinobacteria [1,22%] del orden Acidimicrobiales [0,30%], identificándose al género *Ferrithrix* [0,15%] y secuencias del phylum Acidobacteria [0,91%].

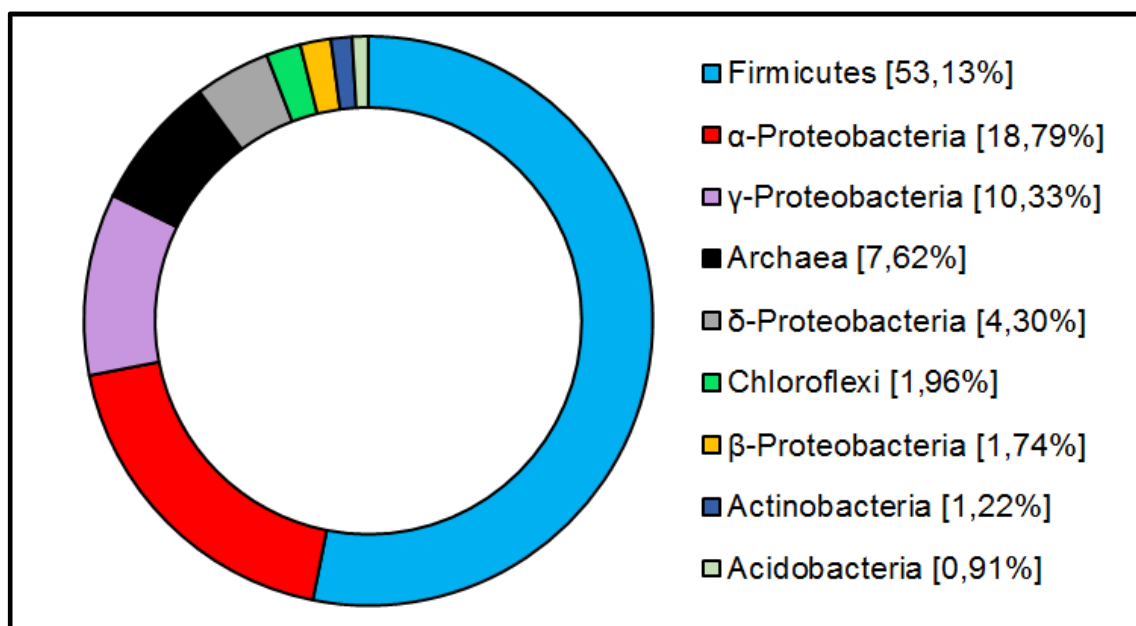


Figura 44: Abundancias relativas de diferentes grupos microbianos del cultivo de enriquecimiento de la muestra Hem en el medio DG + S⁰.

En el caso de **Mag** se obtuvo una S=77, pero con la mayor diversidad observada de las tres muestras secuenciadas ($H'=3,20$), con un $J'=0,737$. La mayoría de las secuencias obtenidas, casi un 50%, correspondieron a los géneros *Thermoplasma* [29,65%] y *Ferroplasma* [11,50%] del dominio Archaea (figura 45), también identificadas en el cultivo de la muestra de **Hem**.

En los Firmicutes [29,76%] se detectaron secuencias de Clostridiales [29,15%], del género *Clostridium* [14,20%] y secuencias de *Fonticella* [8,35%], *Sporotomaculum* [1,51%] *Paraclostridium* [1,41%], *Sulfobacillus* [0,21%] y *Peptoclostridium* [3,24%], un miembro de la familia Pepto(strepto)cocaccaeae. En el orden Bacillales [0,63%] se identificaron los géneros *Macrococcus* [0,42%] y *Staphylococcus* [0,16%]

También fueron detectadas lecturas de α -Proteobacterias [18,75%] identificadas también en el cultivo de enriquecimiento de la muestra **Hem** (*Methylobacterium* [4,80%], orden Rhizobiales [5,80%]; *Roseomonas* [12,32%] y *Acidiphillum* [0,63%] y observadas tanto en las muestras ambientales por secuenciación como por señal de hibridación. También se detectaron β -Proteobacterias, todas del orden Burkholderiales [1,57%] con los géneros *Ralstonia* 0,47% y *Deftia* 0,16% presentes.

Se debe resaltar nuevamente la presencia de miembros del orden Pseudomonadales [4,17%] con secuencias del género *Pseudomonas* [0,41%] y sobretodo del género *Acinetobacter* [3,77%], presente en todas las muestras ambientales secuenciadas por Illumina y habiendo sido descrito como un microorganismo muy versátil metabólicamente (Berardinis et al., 2009), presente de manera habitual en ambientes extremos como el desierto (Azúa-Bustos et al., 2018) y en las superficies de barnices de roca (Kuhlman et al., 2008) en Atacama o en drenaje ácido de minas donde se han sido aislado (Ghosh and Das, 2017). De hecho, todas las lecturas identificadas como *Acinetobacter* resultaron ser muy similares a las secuencias de estos ambientes.

También se observaron lecturas identificadas con el género *Acidibacter* [0,26%], un miembro del orden Xantomonadales; es un acidófilo mesofílico capaz de catalizar la reducción de minerales con ión férrico en condiciones microaerobias y anaerobias, lo que está en consonancia con las propiedades de la muestra **Mag**, más reductora que **Hem**.

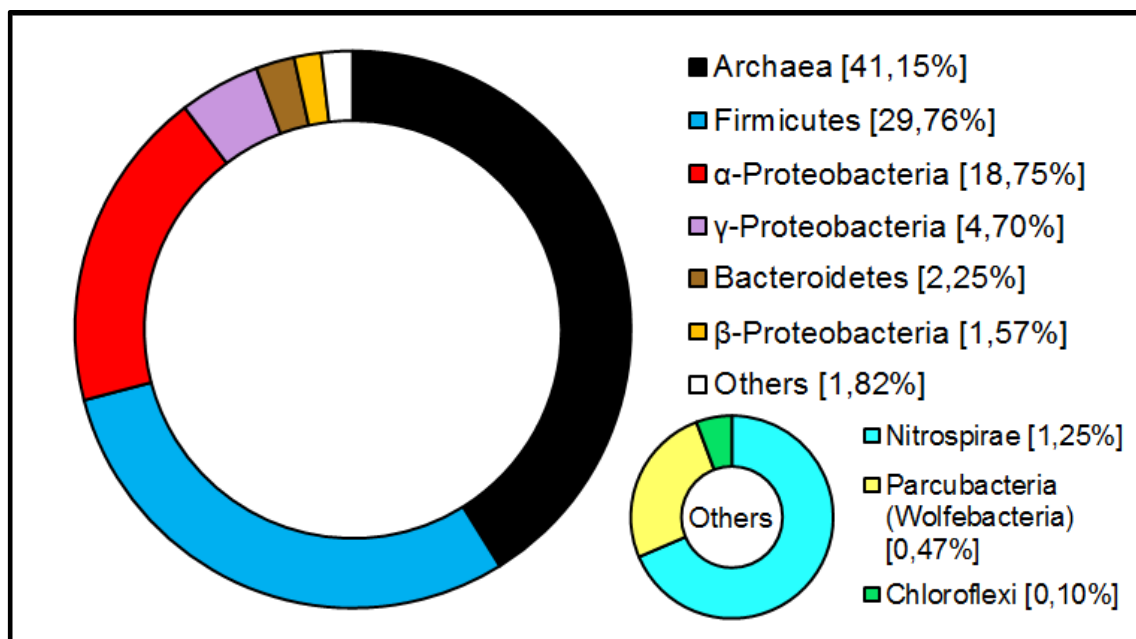


Figura 45: Abundancias relativas de diferentes grupos microbianos del cultivo de enriquecimiento de la muestra Mag en el medio DG + S⁰.

Miembros del género *Tolomonas* [0,26%] no identificado anteriormente en ninguna secuenciación realizada en este trabajo, ha sido descrito como un microorganismos facultativo, capaz de crecer tanto en condiciones aerobias como anaerobias, así como productor de tolueno a partir de precursores como la fenilalanina, y cuya identificación en **Mag** refuerza la importancia de la degradación de los compuestos orgánicos en las comunidades microbianas estudiadas, tal y como se puede observar mediante el análisis del metabolismo de la comunidad microbiana de la muestra **Mag** con el programa Piphillin (apartado 5.6.5).

También se han detectado secuencias correspondientes al phylum Bacteroidetes [2,25%] (no identificadas en el cultivo de **Hem** denominada vadinBC27 wastewater-sludge group [1,41%] y secuencias del género Capnocythophaga [0,84%]) y algunas secuencias de Nitrospira (correspondiente al género *Leptospirillum* [1,25%]) y del phylum Chloroflexi [0,10%], la misma secuencia identificada en el cultivo de **Hem** y en la muestra ambiental. Por último, cabría resaltar la presencia de algunas lecturas de la CPR pertenecientes a las Parcubacteria e identificada como Wolfebacteria [0,47%].

5.6.1.3.3 Cultivo DG (P1)

Con una S= 5, una H'= 1,30 y un J'= 0,81, la secuenciación por Sanger (figura 46) reveló una diversidad en la que casi la mitad de las secuencias del cultivo de enriquecimiento aerobio DG (sin S⁰) se identificaron dentro del

género *Sphingomonas* [55,55] una α -Proteobacteria [en total: 77,77%] (97-99% de identidad). También se identificaron secuencias del género *Caulobacter* [11,11%] (con un 95-99% de identidad), también identificada en las muestras ambientales **P1** y **Hem**, con capacidad de oxidar el manganeso (Francis et al., 2001); *Methylobacterium* sp. ([11,11%], con un 96-99% de identidad), identificada en el cultivo DG + S⁰ de **Hem** y en las muestras ambientales **P1** y **Hem** secuenciadas por Illumina; del phylum Acidobacteria [11,11%] (identificada en la muestra ambiental **Hem**) y *Bacillus* sp. / *Quasibacillus thermotolerans*, con un 99% de identidad [11,11%], microorganismos ampliamente distribuidos en diferentes muestras estudiadas (apartados 5.6.1.1.2, 5.6.1.1.3, 5.6.1.2.2) y en los otros cultivos de enriquecimiento (apartados 5.6.1.3.1 y 5.6.1.3.2). En todos los casos las secuencias identificadas hacen referencia de manera próxima a microorganismos identificados previamente en suelos.

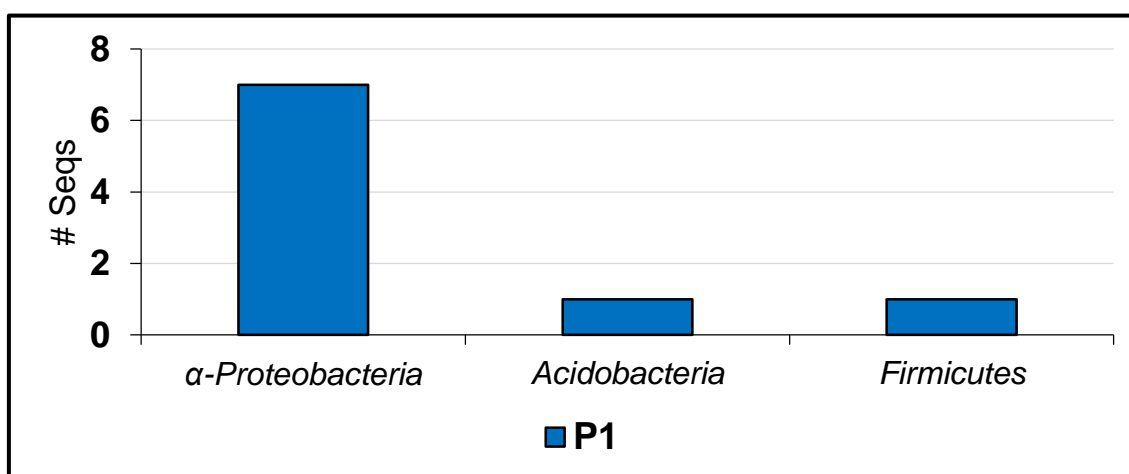


Figura 46: Abundancias relativas de diferentes grupos microbianos del cultivo de enriquecimiento P1 en el medio DG.

5.6.2 Parámetros ecológicos microbianos. Comparación de las comunidades en las muestras ambientales

Con el fin de comparar la diversidad obtenida se calcularon en las distintas muestras ambientales la riqueza de especies, el índice de diversidad de Shannon para comparar la diversidad presente y el índice de Pielou para medir la uniformidad de las poblaciones microbianas.

Los resultados de los cálculos de los parámetros ecológicos que se muestran en la tabla 18 indican que, tanto por Sanger como por Illumina en la unidad litoestratigráfica del Origen la riqueza de OTUs y la diversidad encontrada en la muestra **Hem** es mayor que la observada en las muestras **Mag** y **P1**, algo que también se observa en la muestra **Hem** cuando se compara con el resto de muestras secuenciadas solo por Sanger (**Berr** y **Ror**).

El índice de Pielou muestra un mayor valor para la muestra **Hem** con respecto a la muestra **Mag**, indicando la existencia en **Hem** de una comunidad microbiana más estable y madura que en **Mag**, aunque este valor es menor que el valor obtenido para la muestra **P1**, lo que en este caso indicaría que la comunidad del recubrimiento en esta muestra es más estable que las de la unidad litoestratigráfica del Origen, lo que podría deberse a que conforme acontece la deposición mineral y su asentamiento sobre la roca, aunque haya aporte y lavado de diferentes tipos de microorganismos como consecuencia de la crecida del cauce del río, los principales microorganismos del ecosistema permanecen, lo que sería compatible con el hecho de que **P1** tenga una diversidad intermedia a las muestras del Origen a pesar de tener una menor riqueza de OTUs que la muestra **Mag**.

Tabla 18: Cálculo de parámetros ecológicos de interés en ecología microbiana de las muestras ambientales estudiadas.

Muestra [Ubicación]	S	H'	S	H'	Índice de Pielou (equitatividad) J'= H'/ ln(S)	Bray-Curtis (BC _{ij})		
	SG		ILU			P1	Hem	Mag
Berr [Berrocal]	6	1,31			0,73			
P1 [Berrocal]			387	4,20	0,71		0,995	0,920
Hem [Origen]	10	1,80	658	4,31	0,78 [SG] 0,67 [ILLU]	0,995		0,990
Mag [Origen]	9	1,45	422	3,83	0,66 [SG] 0,63 [ILLU]	0,920	0,990	
Ror [Origen]	8	1,37			0,66			

S: Riqueza de OTUs; H': Índice de Shannon; J': Índice de Pielou; BC_{ij}: Bray-Curtis (sólo con los datos de secuenciación Illumina); SG: Muestras secuenciadas por Sanger; ILU: Muestras secuenciadas por Illumina Mi-Seq. En gris, sin datos.

También se calculó el valor de disimilaridad Bray-Curtis con el fin de evaluar el cambio en la composición de la comunidad microbiana entre las diferentes muestras. Estos valores indican una composición microbiana de **P1** más similar a **Mag**. En base al valor de Bray-Curtis se calculó un cociente utilizando la diferencia de la abundancia de elementos entre las diferentes muestras a comparar y que, multiplicado por 100, muestra la tasa de remplazo en las comunidades microbianas comparadas en función de los cambios observados en la cantidad de un elemento medido por ICP-MS (tabla 19).

Los valores de Bray-Curtis reflejan lo mismo que se observa con el índice de Shannon (tabla 18) y realizando la representación de las relaciones de las comunidades microbianas de las diferentes muestras secuenciadas por Illumina mediante el programa Calypso (figura 47) se evidencia que la muestra **P1** posee una diversidad intermedia entre **Hem** y **Mag**, lo que podría deberse a la ubicación de la muestra **P1** en relación con las muestras del Origen. Las crecidas estacionales del río que periódicamente inunda el lecho de los cantos

redondeados del cauce en Berrocal aporta tanto material como microorganismos y detritos, provocando una mayor tasa de reemplazo de OTUs en **P1** con respecto a **Mag**, resultando en un reseteo parcial de la comunidad microbiana que impide que aumente su complejidad y que como resultado muestra características microbiológicas intermedias entre **Hem** y **Mag** (figura 47).

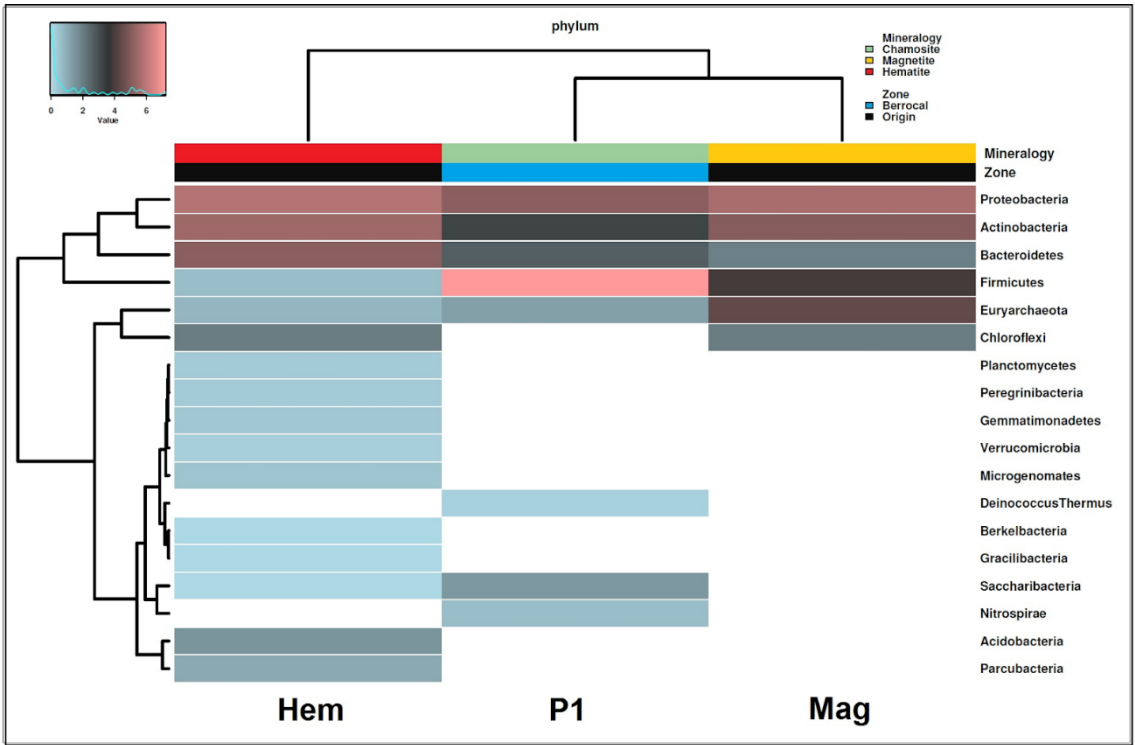


Figura 47: Relaciones de los diferentes taxones microbianos identificados en las muestras secuenciadas por Illumina (Hem, Mag y P1) realizado por el programa bioinformático Calypso a nivel de phylum y que refleja que la comunidad microbiana P1 es más próxima a la muestra Mag. Los códigos de colores muestran la abundancia relativa de cada grupo microbiano en función del conjunto de las muestras (parte superior izquierda de la imagen).

Tabla 19: Tasa de reemplazo utilizando los valores Bray-Curtis en función de la abundancia de elementos químicos en las muestras P1, Hem y Mag.

	Ba	Mn	Pb	As	Ca	Li
Hem-Mag	+2,41 %	+4,95 %	+4,95 %	-0,99 %	-3,96 %	-2,48 %
P1-Hem	-0,52 %	+0,52 %	+0,62 %	+0,72 %	+1,61 %	+19,90 %
P1-Mag	-0,61 %	+0,43 %	+0,51 %	+2,49 %	+2,49 %	-2,63 %

Este valor no se ha calculado para los principales elementos, ya que el sesgo que pueda tener la medición por ICP-MS de los elementos con elevadas concentraciones de Fe y Ti puede ser importante y no significativo. De todas maneras la PCA de la figura 25 (apartado 5.3) permite observar la mayor importancia a nivel químico del Fe en las muestras del Origen con respecto

a la muestra **P1** de Berrocal, lo cual es compatible con las características de los sistemas donde se localizan las muestras.

En base a los valores de Bray-Curtis, la tasa de reemplazo de los OTUs en las diferentes muestras en función de la cantidad de elementos presentes calculado previamente (véase apartado 5.1) refleja que el manganeso, plomo y calcio son los elementos que más influyen en el cambio observado entre **Hem** y **Mag**. En los cambios observados entre las comunidades de la roca de Berrocal y las del Origen destaca la influencia del litio, el calcio y el arsénico (tabla 19).

5.6.3 Inferencia metagenómica de metabolismos en las muestras ambientales secuenciadas por Illumina

Se probaron diferentes porcentajes de umbral de identidad con el programa bioinformático Piphillin, desde el 80% (el mínimo disponible) pasando por el 85%, 90%, 95% y 99% (el más alto disponible), con el fin de identificar el porcentaje de umbral de identidad que englobe en el análisis el mayor número de secuencias posible y que al mismo tiempo evite introducir un excesivo ruido de fondo en los cálculos de los valores de abundancia de las enzimas y rutas metabólicas.

Los resultados de este pre-análisis mostraron que el 85% era el valor umbral más adecuado para proceder con el análisis de inferencia, en el que al menos el 93% de las secuencias introducidas pudieron ser utilizadas en el análisis por Piphillin (tabla 26 y figura 78, apéndice I).

La información de la secuenciación Illumina de las muestras ambientales refleja importantes diferencias entre **Hem** y **Mag** (figura 48) en las rutas de la fotosíntesis (ko00195), los ribosomas (ko03010), la biosíntesis de lipopolisacáridos (ko00540), la biosíntesis de peptidoglicanos (ko00550), el metabolismo del azufre y el nitrógeno (ko00910 y ko00920; para más detalles ver las figuras 49 y 52), resistencia a β -Lactámicos (ko01501), resistencia a Vancomicina (ko01502, formación de biopelículas (ko02026 y ko05111) y sistema de secreción bacteriana (ko03070. Siendo en general los valores para la muestra **Hem** los más altos, excepto en el caso de los ribosomas (ko03010). En el caso de la ruta de la fotosíntesis (ko00195), la discrepancia de valores entre las rutas se debió a elementos particulares de la cadena de transporte de electrones y enzimas implicadas en la respiración celular, pero no a componentes propios de la cadena de electrones fotosintética.

En términos generales, la muestra **P1** y la muestra **Hem** mostraron valores similares (figura 48-B), difiriendo en la biosíntesis de lipopolisacáridos (mayor en **Hem** y similares en **Mag** y **P1**, ko00540), en degradación de compuestos aromáticos (mayor en **P1** pero similar el valor obtenido en **Mag**, ko01220) y en el sistema fosfotransferasa (en este caso mayor en **P1** que en las muestras **Hem** y **Mag**, ko02060).

Por otro lado en **Mag**, los transportadores ABC (ko02010), aunque inferiores al valor en **Hem**, no difirieron de manera significativa en más de un 10%, a diferencia de **P1** que mostró diferencias significativas comparando con **Mag** (figura 48-A).

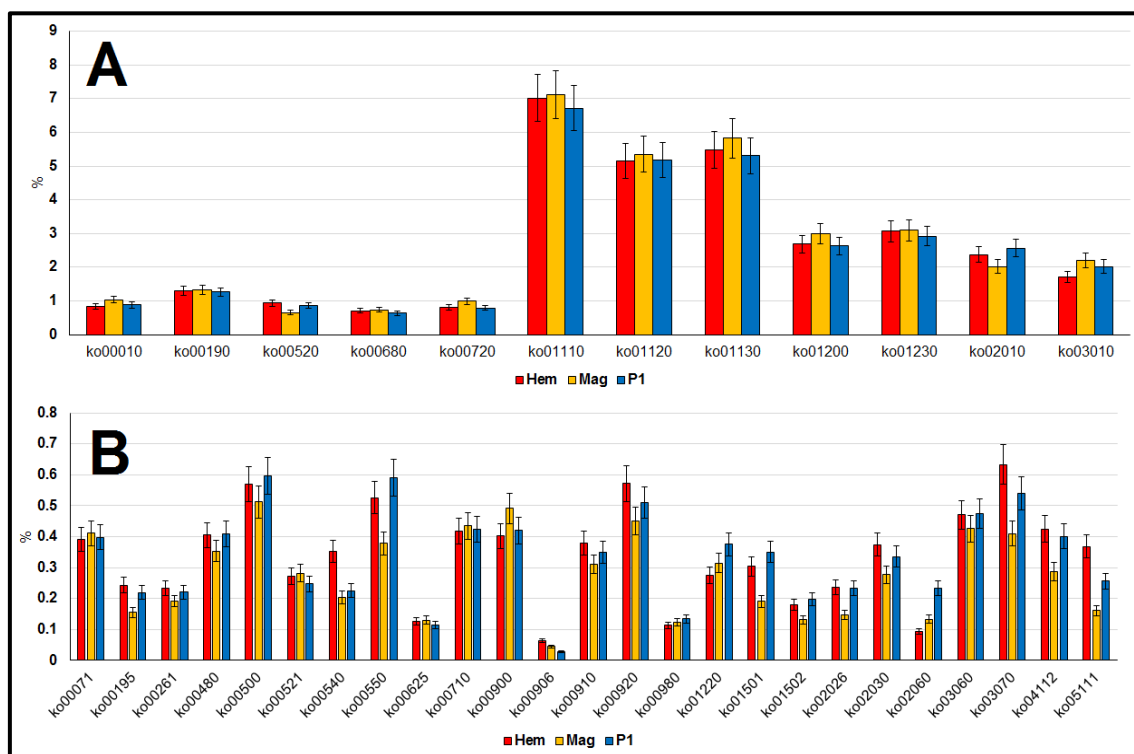


Figura 48: Abundancia relativa de cada ruta metabólica en las muestras ambientales (en A con un porcentaje de abundancia superior al 0,8% y en B inferior al 0,8%). Los porcentajes obtenidos se muestran con una barra de error del 10% asignado a cada valor obtenido. Para saber a qué ruta metabólica corresponde cada acrónimo consultar la tabla 29, apéndice K.

5.6.3.1 Metabolismo del azufre

Analizando en detalle las enzimas involucradas en el metabolismo del azufre (figura 49), se observa que **Hem** difiere notablemente con **P1** y **Mag** (figura 50); que **Mag** y **P1** no destacan de manera particular en ninguna ruta involucrada en el metabolismo del azufre y que, de hecho, en algunas enzimas como K00381 o K00390 **Mag** es significativamente inferior tanto a **Hem** como a **P1** (figura 49); **P1** destaca en la conversión de tiosulfato en tetratiónato (figura 50); sin embargo la muestra **Hem** destaca en la reducción asimilativa de sulfato a sulfuro y en el sistema SOX que convierte el tiosulfato y el tetratiónato en sulfato (figura 51).

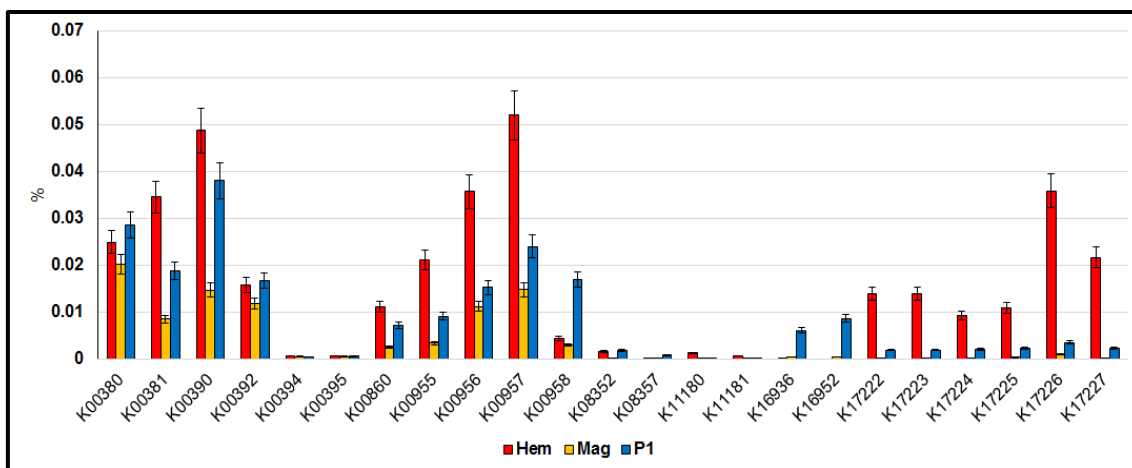


Figura 49: Abundancia relativa del metabolismo del azufre en las muestras ambientales. Los porcentajes obtenidos se muestran con una barra de error del 10% asignado a cada valor obtenido. Para saber a que enzima corresponde cada acrónimo consultar la tabla 30, apéndice K.

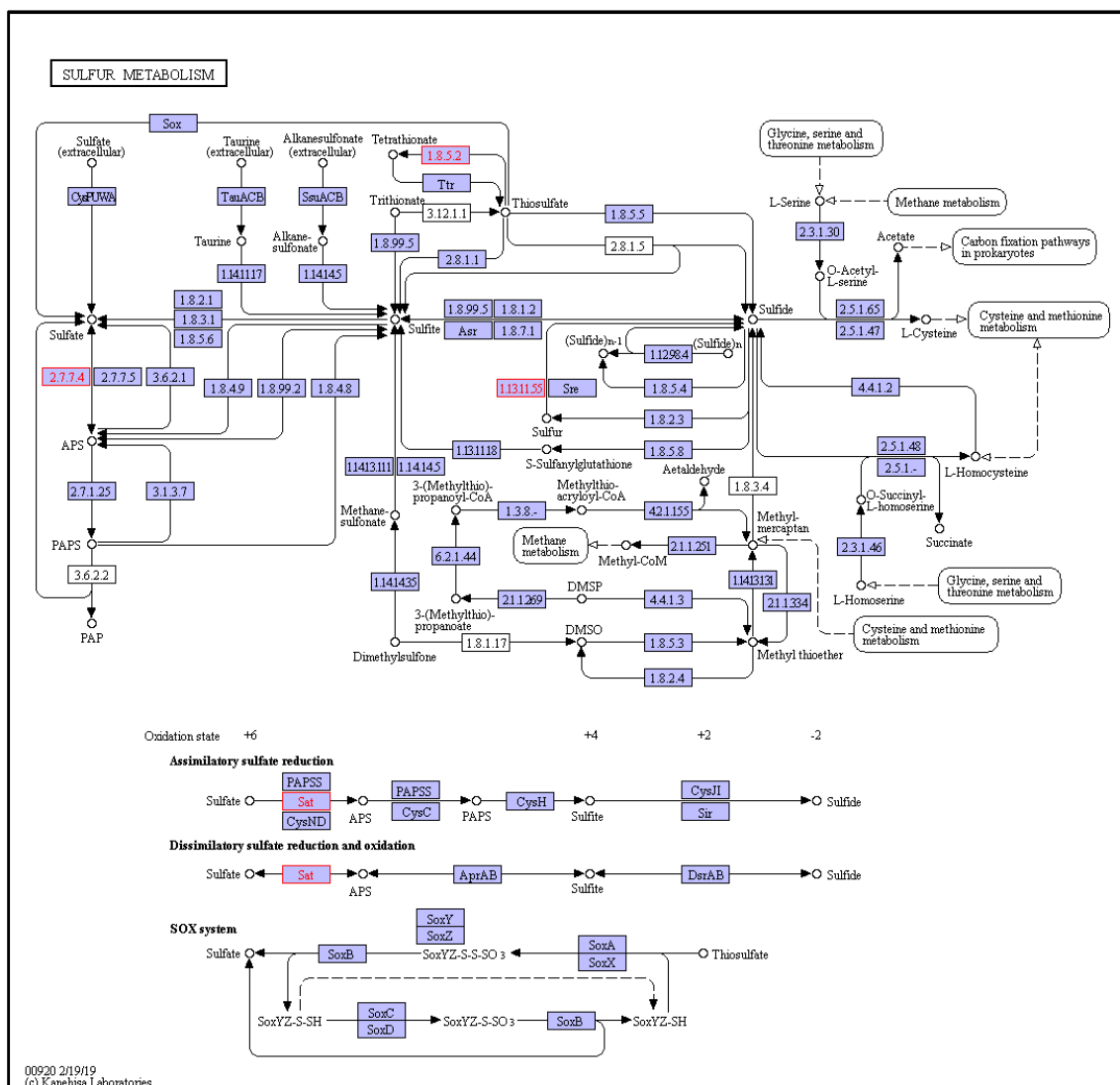


Figura 50: Diferencias significativas en el metabolismo del azufre entre la muestra P1 (Berrocal) con respecto a las muestras Hem y Mag (Origen), mostradas

en los recuadros rojos. En la imagen destaca la primera parte de la reducción asimilativa y desasimilativa del azufre, oxidación y conversión de tiosulfato a tetratiónato.

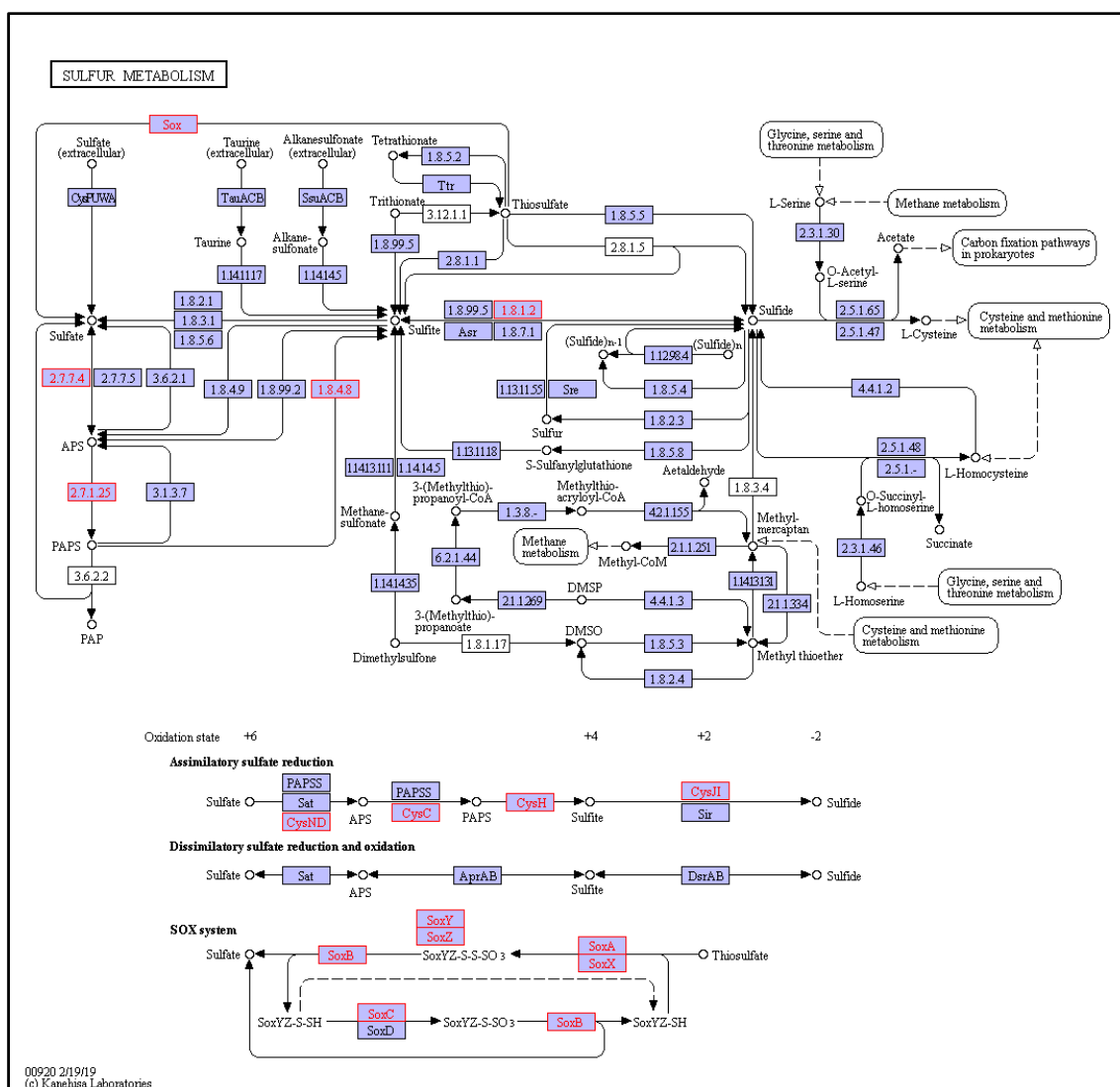


Figura 51: Diferencias significativas en el metabolismo del azufre de la muestra Hem respecto Mag y P1, mostradas en los recuadros rojos. Destacar en la imagen la reducción asimilativa del azufre y la ruta del sistema SOX.

La ruta SOX, utilizada por numerosas bacterias oxidadoras de azufre para convertir el tetratiónato a sulfato (Friedrich et al., 2005), está ampliamente extendido en muchos grupos microbianos, entre los que destacan las α , β Proteobacterias, algunas λ -Proteobacteria quimiolitotrofas facultativas y los Bacteroidetes (Ghosh et al., 2009), lo que es compatible con la gran abundancia relativa de Proteobacteria encontrada en todas las muestras.

A partir de estos resultados se puede concluir que en la comunidad microbiana de la muestra **P1** destaca la conversión de tetratiónato a tiosulfato,

lo que podría indicar que hay una disolución y precipitación de sulfuros y sulfatos. En otras palabras, esta observación puede indicar una biomineralización, ya que podría favorecer cambios en la estructura cristalina del revestimiento cuando se produce la precipitación de minerales de hierro favoreciendo una transición mineralógica como la observada en la unidad litoestratigráfica del Origen (apartado 5.1.1).

5.6.3.2 Metabolismo del nitrógeno

Se han observado grandes diferencias en el metabolismo del nitrógeno entre las muestras **Hem** y **Mag**. En las figuras 52 y 53 se puede ver que en **Hem** destaca la ruta de la desnitrificación, lo que conlleva a una pérdida de nitrógeno en la comunidad, lo que podría explicar el cociente elevado de C / N encontrado en el análisis geoquímico en esta muestra (figura 30 y tabla 23, apéndice C). También se puede observar la importancia del catabolismo de aminoácidos en la comunidad microbiana de **Hem** (figura 53). Por otro lado, en **Mag** cabría destacar el valor elevado de la fijación de nitrógeno y en la reducción del nitrito a amonio) lo que sugiere una mayor implicación en el reciclaje del nitrógeno en esta comunidad microbiana (figura 54).

La muestra de Berrocal, **P1**, no destaca particularmente con respecto de las muestras del Origen, salvo en K00368 y K00374 que corresponden a la desnitrificación y la reducción desasimilatoria del nitrato (figura 54), algo que lo posiciona claramente de manera intermedia al comparar el metabolismo del nitrógeno en estas tres muestras (figura 52-54), lo cual es compatible con el hecho de ser una comunidad microbiana con características intermedias entre las muestras **Hem** y **Mag**.

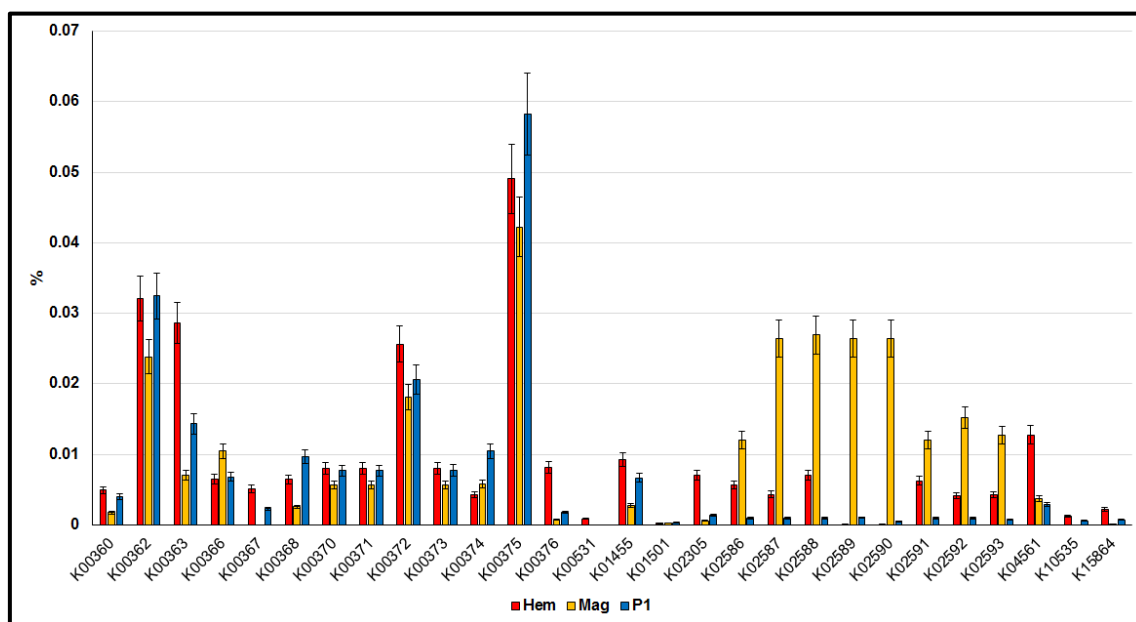


Figura 52: Abundancia relativa de las enzimas implicadas en el metabolismo del nitrógeno. Los porcentajes obtenidos se muestran con una barra de error del 10%

asignado a cada valor obtenido. Para saber a que encima corresponde cada acrónimo consultar la tabla 31, apéndice K.

A la vista de estos resultados lo más parsimonioso es pensar que se da una acumulación progresiva de nitrógeno en el sistema, por un lado la fijación de nitrógeno en las comunidades microbianas, impulsado por el crecimiento de microorganismos autótrofos fijadores de nitrógeno, como *Leptospirillum* y *Acidithiobacillus ferrooxidans*, y por otro lado una fuente de nitrógeno dependiente de la acumulación de microorganismos procedente de manera externa a las comunidades, lo que favorecería el desarrollo de microorganismos más oportunistas en el ambiente. En el caso de que el nitrógeno sea un factor limitante, la comunidad puede disponer de una biomasa suficiente lo que la hace menos dependiente de la limitación de nitrógeno en el sistema, favoreciéndose en este caso procesos que limitan el reciclaje de este importante elemento como la desnitrificación.

Los microorganismos heterótrofos obtienen, gracias a la liberación al medio de exopeptidasas, su fuente su carbono y nitrógeno necesario para su metabolismo energético y procesos vitales, que en el caso de los sedimentos de Berrocal pueden ser las algas y quimiolitotrofos abundantes en el río que se acumulen en el margen. Sin embargo, la mayor necesidad de una fuente de carbono para sus procesos energéticos excede a la necesidad de nitrógeno que gracias a la desaminación tienen disponible, lo que permite que el excedente de amonio sea aprovechado por otros microorganismos como fuente de nitrógeno.

Un ambiente extremo oligotrófico con relativamente poca energía debe estar sometido a una fuerte presión selectiva con el fin de mantener el nitrógeno, un factor limitante para el desarrollo del ecosistema, favoreciéndose el reciclaje de este elemento, ya que la fijación del nitrógeno atmosférico es un proceso muy costoso energéticamente (Vitousek et al., 2002). Este concepto sería compatible con los bajos valores de la ruta de nitrificación encontrados en las muestras **Mag** y **P1**, lo que podría explicarse por el hecho de que los microorganismos de las comunidades microbianas tienen un aporte adecuado de grupos amonio para la síntesis de aminoácidos. Así mismo la observación de una menor cantidad de materia orgánica en **Mag** apoyaría esta idea.

El amonio de la materia orgánica termina oxidado, convertido en nitrato o nitrito los cuales pueden ser rápidamente metabolizados lo que evita que el nitrógeno disponible se pierda por desnitrificación, siendo reincorporado a la materia orgánica. En cambio, como se aprecia en la muestra **Hem**, mucho más madura ecológicamente, los valores de desnitrificación son mucho más elevados, lo que se podría explicar por el hecho de que en dicha comunidad microbiana se dispone de una cantidad de nitrógeno suficiente y al disminuir la presión selectiva, una parte de los nitratos y nitritos puede ser destinada a la ruta de la desnitrificación con el fin de obtener más energía (Zehn et al., 2003),

lo que es compatible con la observación de que la fijación de nitrógeno es más importante en **Mag** que en **Hem**.

Los grupos amonio liberados al sistema debido a la desaminación de los aminoácidos aumentaría localmente el pH, algo que ya ha sido demostrado en cultivos de enriquecimiento y que se considera una estrategia de supervivencia en ambientes ácidos extremos (Ziegler et al., 2013). Este hecho podría crear micronichos aptos para que otros microorganismos que no toleren condiciones ácidas puedan estar desarrollándose en el sistema como oportunistas. Esto explicaría además porqué entre **Hem** y **Mag** se observan grandes diferencias en el cociente C / N, consecuencia de que el nitrógeno es más limitado en una comunidad microbiana más inmadura. Pero con el tiempo, la comunidad al poder garantizar el suministro suficiente de nitrógeno opta por utilizar la desnitrificación como sistema de obtención de energía, lo cual es una opción ecológica viable al no haber una limitación sobre la disponibilidad de nitrógeno, favoreciendo el establecimiento de una mayor diversidad, tal y como se observa en **Hem** respecto de **Mag**.

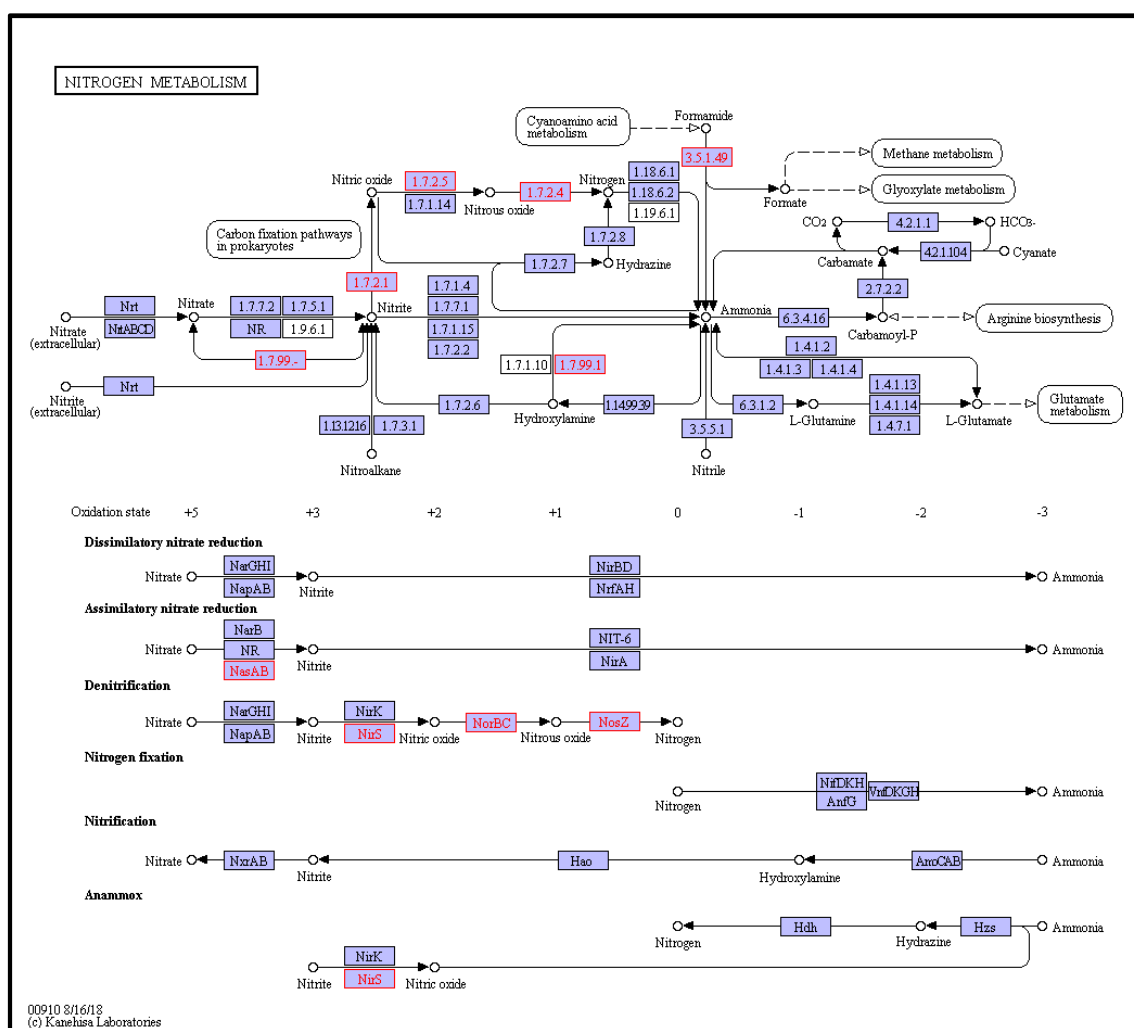


Figura 53: Diferencias en el metabolismo del nitrógeno en Hem con respecto a Mag y P1 remarcados en los cuadrados rojos. Resalta en la imagen la primera parte

de la reducción asimilativa de nitrato y desnitrificación. Además, la ruta del metabolismo de los cianoaminoácidos revela la importancia de la degradación de los aminoácidos en la comunidad microbiana.

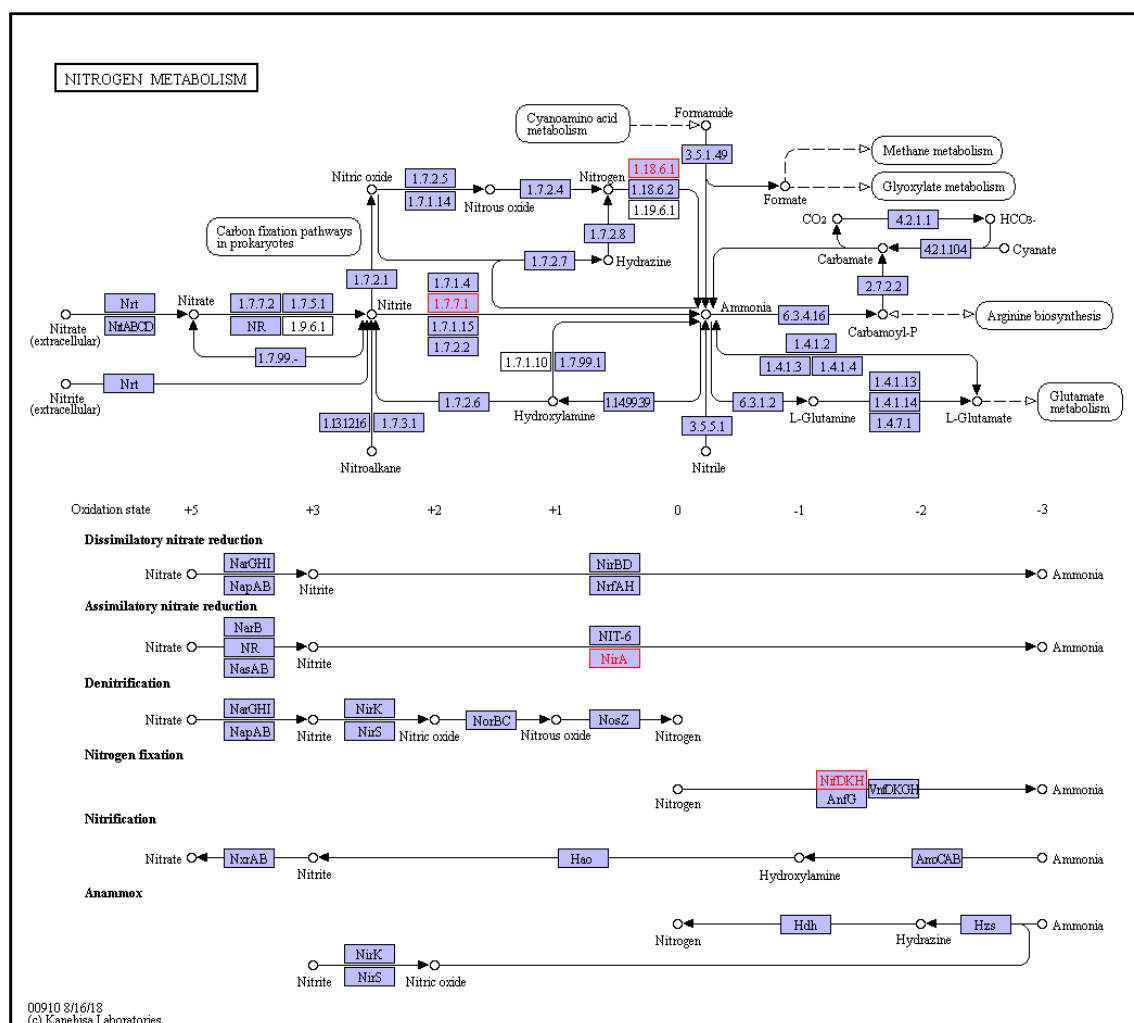


Figura 54: Diferencias significativas encontradas en el metabolismo del nitrógeno en la muestra Mag con respecto a Hem y P1, remarcadas en los recuadros rojos. Se resalta en la imagen la segunda parte de la reducción de nitrato por asimilación y la fijación de nitrógeno.

También la limitación del nitrógeno puede generar una fuerte presión selectiva que conlleve a que se favorezcan estrategias metabólicas entre microorganismos con tal de maximizar la energía obtenida con la menor cantidad de nitrógeno, lo que explicaría que en **Hem** encontremos microorganismos que potencialmente han sido descritos como simbioses en ambientes naturales con capacidad de realizar desnitrificación heterótrofa (Gtari et al., 2012; Castelle et al., 2018).

La presencia de amonio y el aumento del pH favorecerían la oxidación del hierro, provocando que el sistema sea más oxidante con el paso del tiempo, lo que es compatible con la mineralogía observada en **Hem** respecto de **Mag**.

Este cambio de potencial redox también afectaría a la composición de la comunidad microbiana a lo largo del tiempo, por lo que es razonable postular que las comunidades microbianas pueden estar provocando alteraciones químicas que llevan a cambios observables en la mineralogía de las muestras. Sin embargo no se han encontrado evidencias directas inequívocas de que la presencia de los microorganismos detectados sean precursores directos de los cambios mineralógicos y de composición elemental observados (apartado 5.1) por lo que sería conveniente en un futuro contrastar esta hipótesis y confirmar si los microorganismos están implicados activamente en el proceso, puesto que la mera presencia de microorganismos en un sistema no permite concluir que estén implicados directamente en los procesos.

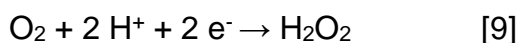
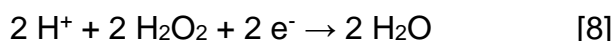
5.6.3.3 Transportadores de membrana y enzimas de interés

Dadas las diferencias químicas detectadas en las muestras cuya diversidad se ha analizado por secuenciación, la exploración de los diferentes transportadores de membrana en las comunidades microbianas puede darnos una idea sobre la influencia del ambiente en el que viven. Aunque los transportadores ABC no mostraron diferencias significativas entre **Hem** y **Mag** en términos generales (ko02010, figura 48-A), sí se observaron diferencias a nivel de transportadores específicos (figura 55), destacando en la muestra **Hem** la presencia de transportadores de fosfato, sulfato, Mn/Fe y osmoprotección. En **Mag**, cabría destacar la presencia de determinados transportadores de oligopéptidos (K101823 y K15583), aunque otros transportadores de oligopéptidos fueron más abundantes en la muestra **Hem** (K15581 y K15582), por lo que no se pueden considerar diferencias significativas a este respecto. En el caso de **P1**, los valores fueron similares a la muestra de **Hem**, aunque en la muestra **P1** habría que destacar al comparar con las muestras del Origen la presencia de un transportador de hierro (K02012) y de valores elevados en transportadores de oligopéptidos (figura 55).

En cuanto a otros tipos de transportadores, tanto en las comunidades microbianas **P1** como **Hem**, los transportadores de aminoácidos fueron más abundantes (K03293, K03294, K03305) y en **Hem**, los transportadores más abundantes fueron para Mn (K03322), As (K03325) y especialmente para Mg y SO₄ (K03284, K03321; figura 56). Finalmente, como enzimas de interés biológico, habría que destacar el valor ligeramente mayor en **Hem** de la enzima manganeso oxidasa (cotA, K06324) que ha sido descrita en las endosporas de los Firmicutes (Sathiyarayanan et al., 2016).

Cabría destacar en términos generales una gran actividad catalasa en la muestra **Hem** (K03781, aunque en **P1** con la enzima K03781 se destaca

ligeramente con respecto a **Hem** y **Mag**), así como la citocromo c peroxidasa en **Hem** (K00428, figura 57) que cataliza la conversión del peróxido de hidrógeno en agua. Esto puede deberse a dos factores: por un lado, la presencia de sulfuros metálicos como la pirita que pueden catalizar la producción de peróxido de hidrógeno (Borda et al., 2001) altamente reactivo y con capacidad de dañar las estructuras celulares; por otro lado la gran cantidad de citocromo c peroxidasa observada puede ser el producto de actividad fotoprotectiva como consecuencia de la formación de peróxido de hidrógeno por la incidencia de la luz sobre moléculas de agua (Kim et al., 2014). En cualquier caso, este peróxido de hidrógeno mediante la citocromo c peroxidasa, puede ser utilizado por los microorganismos como un excelente agente oxidante y así estimular la utilización de fuentes de carbono alternativas (Kaya et al., 2017). Aunque hasta la fecha sólo se ha demostrado el uso del H₂O₂ para este fin en *Escherichia coli* (Khademian and Imlay, 2017) y en la bacteria anaerobia *Bacteroides thetaiotaomicron* (Mishra and Imlay, 2013), es razonable pensar que pudiera ser una estrategia muy útil a nivel ambiental, pudiendo actuar tanto como agente oxidante (ecuación 8) como agente reductor (ecuación 9), pero serán necesarias futuras investigaciones para poder demostrar esta habilidad de los microorganismos y si tiene un papel relevante en muestras como las nuestras.



Lo que sí refleja claramente la citocromo c oxidasa en **Hem** es un mayor estado de oxidación, lo que estaría de acuerdo con los resultados sobre la mineralogía de **Hem**, más oxidante que **Mag**.

En la muestra **Mag** se observó la existencia de un número elevado de transposones (K07481, K07483, K07491, K07493, K07496 y K07497) lo que podría indicar una presencia mayor de elementos genéticos móviles en esta muestra (figura 57), algo que sería compatible con el estrés celular, ya que en condiciones muy estresantes como las generadas por determinadas condiciones ambientales los microorganismos tienden a ser más propensos al intercambio de material genético o al movimiento de elementos genéticos y expresión diferencial de genes, lo que ha podido favorecer la adaptación y evolución de linajes microbianos en diferentes ambientes (Ward et al., 2018; Zeinert et al., 2018). También es interesante observar la presencia de transportadores de compuestos antimicrobianos (K03297), los cuales están algo más representados en las muestras **Mag** y **P1** que en **Hem**.

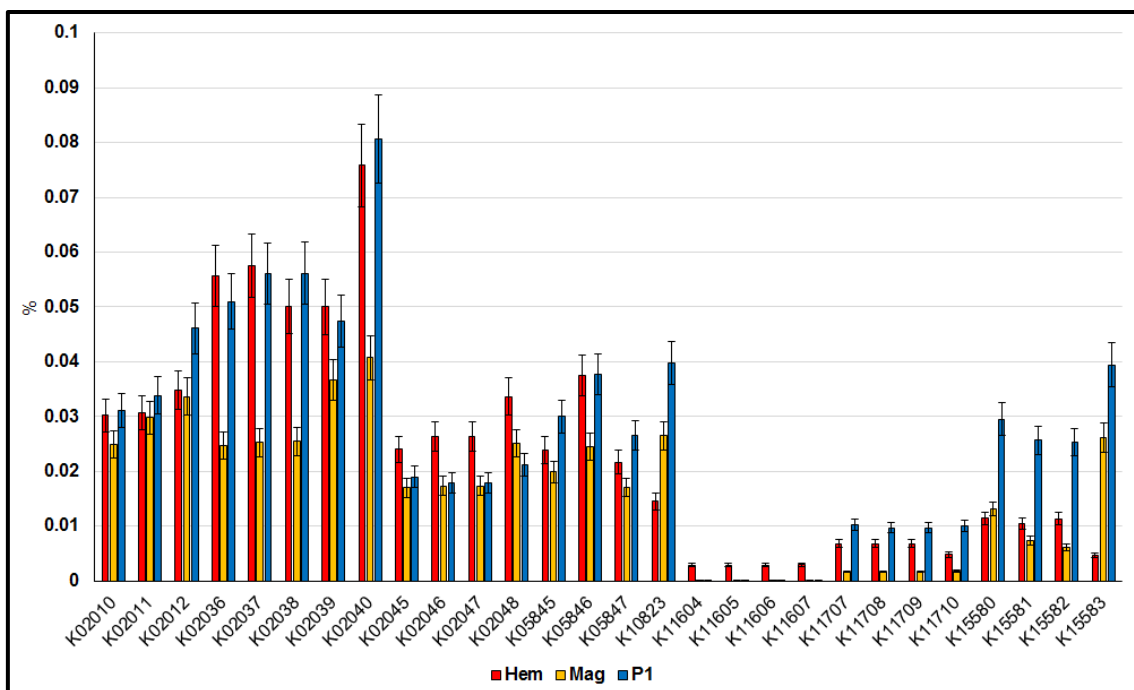


Figura 55: Abundancia relativa de diferentes tipos de transportadores ABC en las muestras ambientales. A cada valor obtenido se le ha asignado un error del 10%. Para saber a que actividad corresponde cada acrónimo consultar la tabla 32, apéndice K.

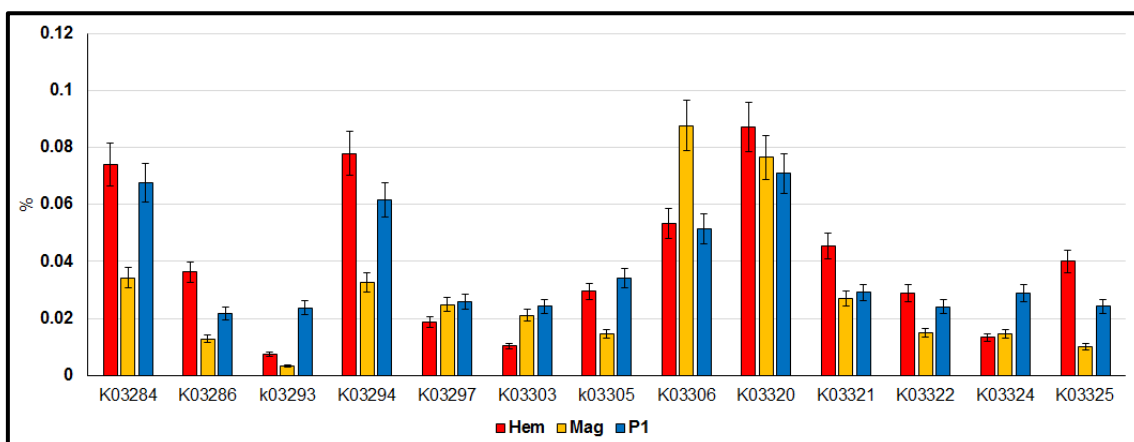


Figura 56: Abundancia relativa de diferentes tipos de transportadores no ABC en las muestras ambientales y se muestra con una barra de error del 10% asignada a cada valor obtenido. Para saber a que actividad corresponde cada acrónimo consultar la tabla 33, apéndice K.

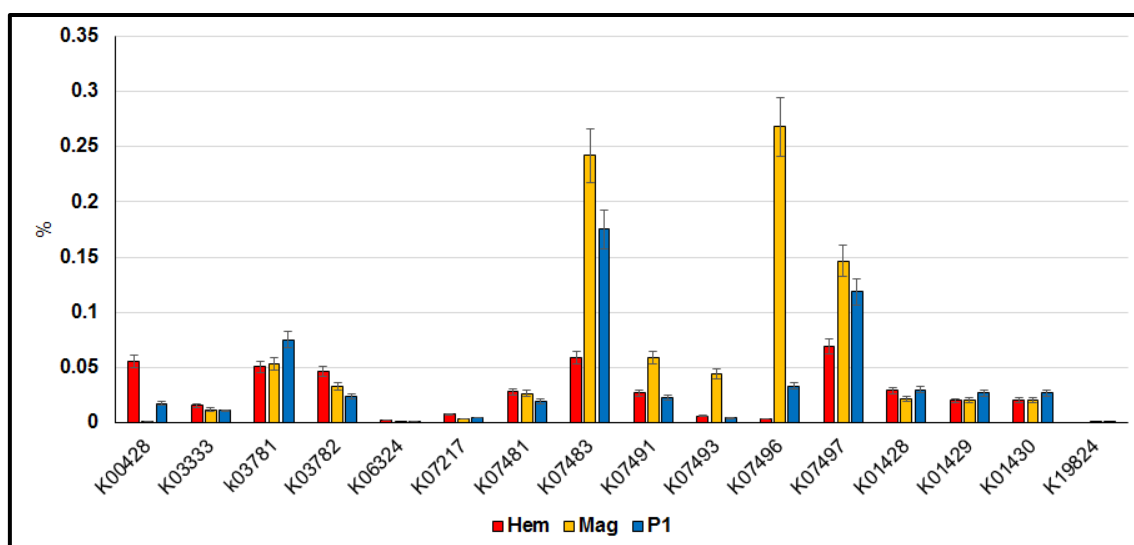


Figura 57: Abundancia relativa de otras enzimas de interés en las muestras ambientales y se muestra con una barra de error del 10% asignada a cada valor obtenido. Para saber a que enzima corresponde cada acrónimo, consultar la tabla 34, apéndice K.

5.6.4 Diversidad microbiana identificada por CARD-FISH

Una metodología importante en los estudios de diversidad microbiana en sistemas sólidos como los revestimientos de roca estudiados en este trabajo es la utilización de la hibridación *in situ* con marcadores fluorescentes (CARD-FISH). En el capítulo de Materiales y Métodos (apartado 4.5.9) se explica el fundamento de esta metodología y su utilidad en muestras con minerales que acostumbran a ser autofluorescentes y por lo tanto interfieren con la señal de hibridación. En nuestro caso se han utilizado sondas con especificidades complementarias, desde el grupo taxonómico de dominio a género, con el fin de apoyar los datos de diversidad obtenidos por secuenciación.

Utilizando la sonda general de Bacterias (EUB338-I-II-III) se pudo detectar la presencia de las mismas en todas las muestras analizadas: **Berr**, **P1**, **Hem** y **Mag**. Las hibridaciones con esta sonda se muestran en la figura 58.

En el caso del dominio Archaea en todas las muestras analizadas se detectó hibridación positiva con la sonda ARCH 915, excepto en la muestra **Hem**, que no mostró ninguna señal de hibridación (figura 59), lo que está de acuerdo con los datos de secuenciación obtenidos, en la que apenas se obtuvieron lecturas para microorganismos de este dominio (apartado 5.6.1.1.1).

Los phyla más ampliamente distribuidos en las diferentes muestras hibridadas (**Berr**, **P1**, **Hem** y **Mag**) fueron Actinobacteria, Proteobacteria (clase α , β y γ), Chloroflexi y Firmicutes, lo que reflejan su ubicuidad en el sistema del Río Tinto (Amils et al., 2014; Escudero et al., 2018), incluyendo en nuestro caso las muestras de revestimiento de rocas.

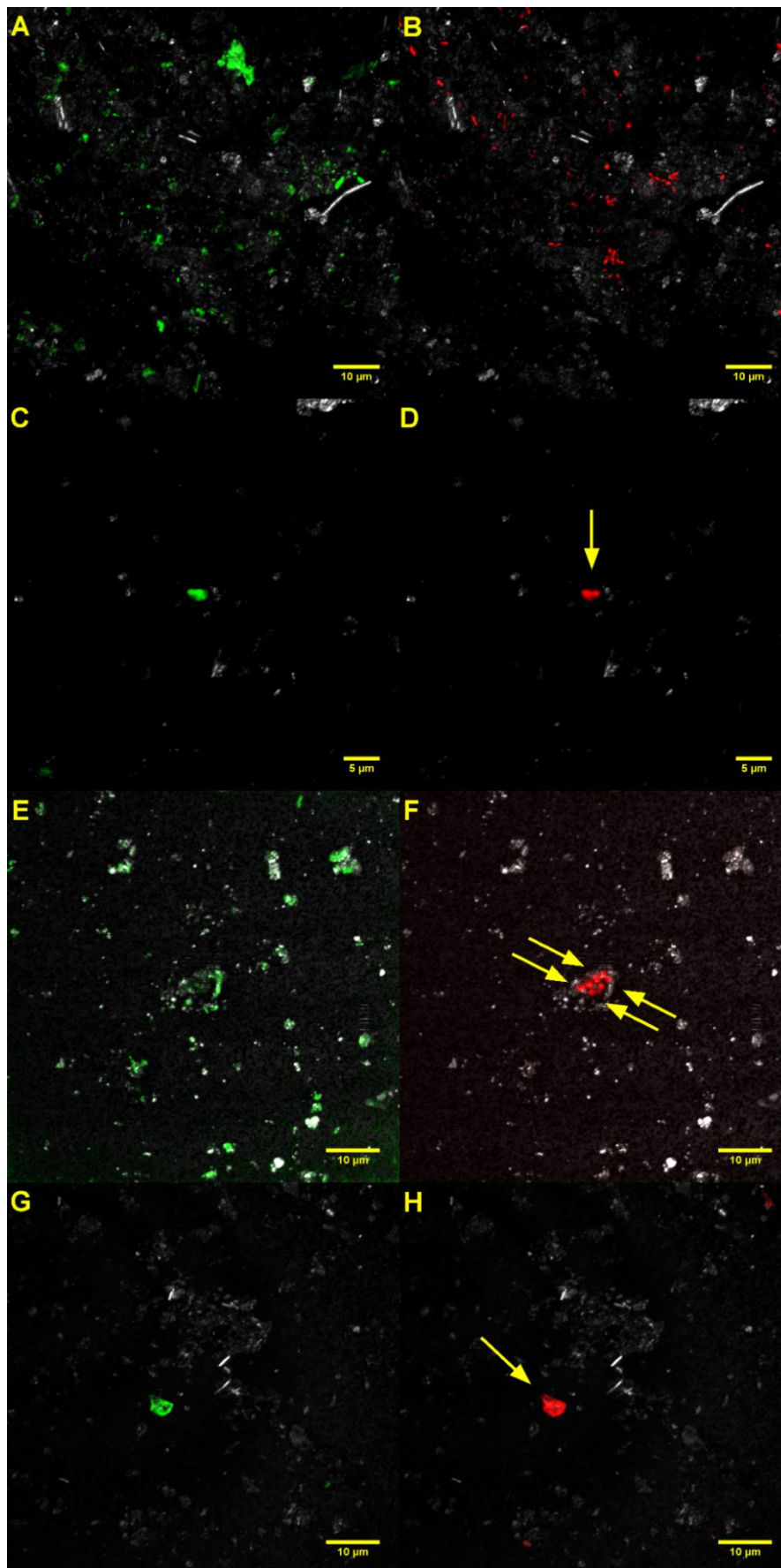


Figura 58: Hibridación positiva de Bacteria en las muestras Berr (A-B), P1 (C-D), Hem(E-F) y Mag (G-H) utilizando la sonda EUB338-I-II-III combinadas. En verde, la

señal de Syto9; en rojo, la señal de CARD-FISH; en gris, la reflexión. Las barras de escala son 10 μm , excepto C y D (5 μm).

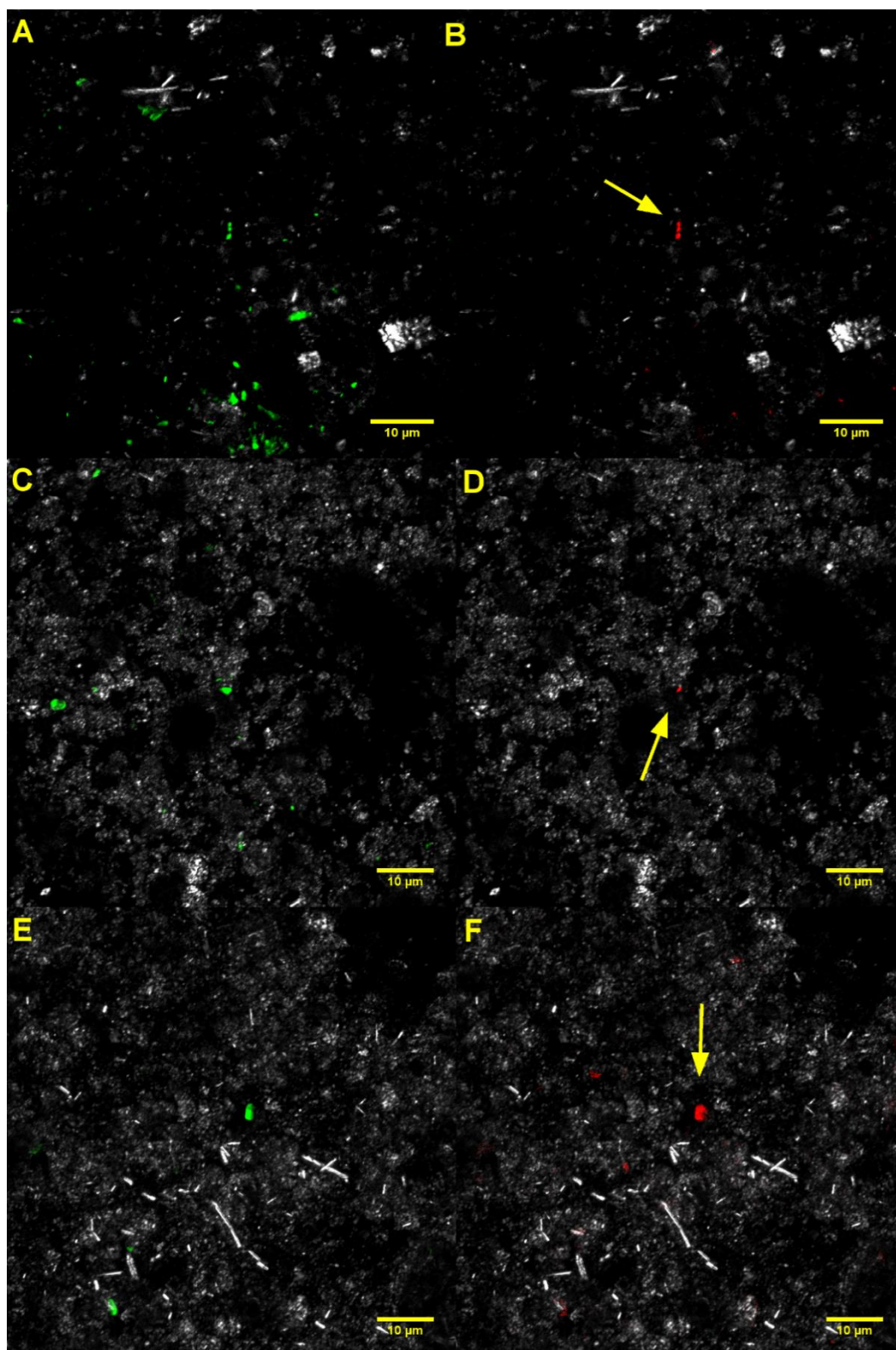


Figura 59: Señal de hibridación en las muestras Berr (A-B), P1 (C-D) y Mag (E-F) usando la sonda ARCH 915. En verde la señal de Syto9; en rojo, la señal de CARD-FISH; en gris, la reflexión. Las barras de escala son 10 μm .

También se han detectado miembros de las clases α , β y γ -Proteobacterias en todas las hibridaciones realizadas en las muestras, excepto para β -Proteobacterias en la muestra **Berr** (figura 79-81, apéndice L).

Acidiphilium sp. corresponde a una α -Proteobacteria reductora de hierro en condiciones anaerobias utilizando la materia orgánica como dador de electrones (San Martin-Uriz et al., 2011). Se encontraron señales de hibridación positiva utilizando una sonda específica para este género en las muestras **Hem**, **P1** y **Mag**. Estos datos se corresponden con los datos de secuenciación obtenidos para **Hem** y **P1**. En el caso de **Mag** únicamente disponemos de datos de presencia de *Acidiphilium* por hibridación no habiéndose detectado secuencias de este microorganismo en esta muestra (figura 82 A-D, apéndice L). *Acidovorax* sp., que corresponde a una β -Proteobacteria capaz de oxidar el hierro (II) utilizando nitrato como aceptor de electrones (Carlson et al., 2013; Escudero, tesis 2018) y oxidar As (Suhadolnik et al., 2017). Se encontraron señales de hibridación positiva en todas las muestras analizadas, lo que corrobora los resultados obtenidos por secuenciación (figura 82 E-H, apéndice L), a excepción de la muestra **Mag**, a pesar de que se encontraron miembros de este género en la secuenciación masiva de la muestra.

Acidithiobacillus ferrooxidans, es una γ -Proteobacteria capaz de oxidar el hierro en condiciones aerobias o reducirlo en condiciones anaerobias utilizando azufre como donador de electrones (Valdés et al., 2008). Este microorganismo se ha detectado por hibridación y secuenciación en todas las muestras excepto en la muestra **Mag**, lo cual sugiere que el papel de este microorganismo en esta muestra no debe ser relevante, ya que dos técnicas complementarias como secuenciación e hibridación no han evidenciado su presencia (figura 83, apéndice L).

La sonda específica para Actinobacterias ha permitido detectar su presencia en todas las muestras hibridadas (figura 84, apéndice L) lo que junto a los datos de secuenciación subraya que se trata de un phylum abundantemente distribuido en el ecosistema sujeto de estudio, lo que cabría esperar de un grupo de microorganismos ampliamente distribuidos en suelos y rocas jugando un importante papel en la degradación de la materia orgánica, en la simbiosis entre microorganismos y en algunos géneros en la fijación de nitrógeno, como por ejemplo *Frankia* (Battistuzzi and Hedges, 2008; Gtari et al., 2012; Lewin et al., 2016).

Los microorganismos de los phyla Bacteroidetes y Firmicutes fueron ampliamente detectados tal y como hemos visto mediante secuenciación, y junto con otros microorganismos pueden estar implicados en la degradación de la materia orgánica y en la oxidación / reducción de hierro y manganeso (Nealson et al., 1991; Battistuzzi and Hedges, 2008; Bohu et al., 2016). Sin embargo, las hibridaciones utilizando una sonda específica para Bacteroidetes sólo mostró señal positiva de hibridación en la muestra **Mag** (figura 85 A-B) y en el caso de Firmicutes se encontró señal positiva de hibridación en todas las muestras excepto en la muestra **P1** (figura 85 C-H), tal vez debido a problemas

en la permeabilización ya que sí se encontró señal positiva de hibridación en dicha muestra utilizando una sonda específica para *Sulfobacillus* (figura 86, apéndice L), un género bacteriano incluido en el phylum Firmicutes y detectado también por secuenciación (apartado 5.6.1).

De sobra es conocido la capacidad de los Firmicutes de formar endosporas altamente resistentes que pueden haber eludido la permeabilización a la sonda (Amann and Fuchs, 2008). Miembros de *Sulfobacillus* sp. han sido identificados en el subsuelo de la Faja Pirítica Ibérica mediante secuenciación, microarrays de oligonucleótidos, inmunochips (LD300chip) y CARD-FISH (Puente-Sánchez et al., 2016; Escudero, tesis 2018). Este microorganismo es capaz de oxidar el hierro (II) usando como aceptor de electrones el azufre elemental o bien puede oxidar compuestos del azufre para su metabolismo energético (Guo et al., 2016). También puede reducir arsénico si las condiciones ambientales se lo permiten, probablemente como sistema de destoxificación (Zhang et al., 2017).

Sulfobacillus puede desarrollarse en consorcios microbianos con microorganismos de la familia Acidimicrobiales (Actinobacteria). En nuestro caso hemos identificado numerosos OTUs pertenecientes a esta familia en la muestra **Hem** y con especial abundancia en la muestra **Mag**, lo que apoya la posibilidad de que el desarrollo de ambos tipos de microorganismos en cultivos mixtos sean capaces de oxidar el hierro (II), tal y como se ha podido demostrar en cultivos de laboratorio (Watling et al. 2008), o de que miembros del género *Sulfobacillus* puedan crecer mixotróficamente utilizando compuestos producidos por *Acidithiobacillus ferrooxidans* (Clark y Norris, 1996) o *Acidovorax*, encontrado íntimamente asociado con *Sulfobacillus* en la IPB formando colonias mixtas (Escudero, tesis 2018), siendo estas observaciones compatibles con las características de las comunidades detectadas en la unidad litoestratigráfica del Origen (apartados 5.6.1 y 5.6.3.1). Además, la ausencia de *Sulfobacillus* en la muestra **Hem** evidenciada tanto por secuenciación como por hibridación, así como la menor presencia de Acidimicrobiales en esta muestra estaría de acuerdo con la observación mineralógica de un estado más oxidado en **Hem** lo que dificultaría el desarrollo de *Sulfobacillus* pudiendo ser desplazado por otros microorganismos más adaptados a las condiciones oxidantes de la muestra (apartado 5.6.3.1).

Se detectaron miembros del phylum Chloroflexi en todas las hibridaciones realizadas usando las sondas CFX1223 y la sonda GNSB941 en las muestras de la unidad litoestratigráfica del Origen lo que estaría de acuerdo con los datos de secuenciación, aunque no se identificaron secuencias correspondientes a este phylum en **P1** (figura 87, apéndice L).

Habría que indicar que los miembros del phylum Chloroflexi son componentes microbianos importantes en numerosos barnices de roca (ej. Northup et al., 2010), lo que permite concluir que pueden ser, junto con los quimiolitotrofos, un eslabón fundamental de la microbiología en las muestras rocosas.

También se realizaron hibridaciones con una sonda específica para la subdivisión III de Chloroflexi (CFX109), que incluye microorganismos filamentosos tales como los géneros *Chloroflexus* u *Oscillochloris* y que se sabe que son fotótrofos anoxigénicos (Garrity and Holt, 2001). Sin embargo, esta sonda tampoco reveló ninguna hibridación positiva en las muestras ensayadas.

Para probar la posible presencia de Cyanobacteria en las muestras de roca estudiadas, se realizó una hibridación específica con la sonda CYA361. Y aunque se detectó señal positiva de hibridación en la muestra **Hem** (figura 88 A-B, apéndice L), aunque ni la secuenciación por Illumina (cuya única secuencia identificó secuencias similares a Actinobacteria, apartado 5.6.1.1.1) ni la PCR con cebadores específicos para este grupo de microorganismos revelaron su presencia en **Hem** (figura 71 A-B).

En el caso de las muestras **Mag** y **P1**, sí se detectaron secuencias en Illumina clasificadas como Cyanobacteria / Chloroplast, pero la PCR específica para Cyanobacteria no reveló ninguna señal positiva ni tampoco la hibridación con la sonda CYA 361. Dada la similitud existente entre las secuencias de cloroplastos de eucariotas y las de las cianobacterias (Raven and Allen, 2003), ha resultado imposible diferenciar si estas secuencias realmente corresponden a cianobacterias o corresponden a secuencias de cloroplastos. Estos resultados han sugerido su eliminación en la evaluación del modelo ecológico de las muestras estudiadas, excepto en la muestra **Ror**, ya que en este caso sí hubo amplificación con la PCR específica (apartado 5.6.1).

En cuanto a las bacterias reductoras de sulfato (SRB), cabría resaltar su detección con la sonda específica en todas las muestras analizadas, excepto en la muestra **Berr** (figura 88 C-H, apéndice L). La detección de secuencias por Illumina en **P1** y **Mag** de microorganismos miembros de las familias Peptococcaceae y Peptostreptococcaceae (Firmicutes), las cuales tienen miembros con capacidad reductora de sulfato desasimilativa, y en la muestra **Hem** la detección de secuencias pertenecientes a δ -Proteobacteria confirman que esta actividad metabólica está presente en todos los revestimientos de roca estudiados y que probablemente estén acopladas al ciclo de azufre así como a la generación de sulfuros metálicos tal y como se observa en los sedimentos de Río Tinto (Sanchez-Andrea et al., 2012), favoreciendo los cambios mineralógicos que se observan en la unidad litoestratigráfica del Origen asociados a su capacidad de reducir metales pesados como Cu (II), Fe (III), Mn (IV) o U (VI) (Lovley et al., 2004). Este hecho también podría explicar la presencia de numerosos metales pesados detectados por SEM-EDXM en la muestra de Berrocal **P1** y que no se observan tan abundantemente en las muestras de la unidad litoestratigráfica del Origen.

La presencia del phylum Acidobacteria detectadas por secuenciación en las muestras **Hem** y **Berr** ha sido confirmada por las hibridaciones positivas detectadas en estas muestras (figura 90, apartado L). Sin embargo se ha evidenciado una hibridación positiva en la muestra **Mag** utilizando una sonda

específica para *Acidobacteria*, lo que no ha podido ser corroborado por los datos de secuenciación (figura 90 E-F, apartado L).

Todas las lecturas identificadas en el phylum Nitrospirae corresponden a secuencias del género *Leptospirillum* sp., un microorganismo diazotrófico, acidófilo que oxida el hierro (II) (Fujimura et al., 2012). Se han encontrado señales de hibridación positiva en todas las muestras utilizando la sonda específica LF 655 (figura 91, apéndice L), pero la secuenciación reveló su presencia únicamente en las muestras de Berrocal (**P1** y **Berr**), un ambiente más susceptible a una mayor presencia de *Leptospirillum* sp. debido a su abundancia en la columna de agua del río (González-Toril et al., 2003).

Existen varios casos en los que no coinciden los datos de secuenciación con los de hibridación. Cabría destacar el caso de los miembros de los phyla Bacteroidetes y Firmicutes. Pero como ya se ha comentado en el apartado 5.4.6.2 la falta de señal positiva de hibridación puede ser una consecuencia de la permeabilización de las células, necesaria para que penetre la sonda y se pueda dar la hibridación. La característica de los Firmicutes como los Clostridia de formar endosporas puede explicar a efectos de hibridación la ausencia de reconocimiento al existir la posibilidad de no haberse realizado una permeabilización adecuada (Amann and Fuchs, 2008).

El que se haya visto una correlación entre los datos de secuenciación y los de hibridación para *Sulfobacillus* en algunas muestras hace particularmente relevante el no encontrarlas en la muestra **Hem**, indicando la ausencia de miembros de este género en dicha muestra.

También es relevante y particularmente sorprendente el hecho de no encontrar en la muestra **Mag** señal positiva de hibridación ni secuencias por Sanger ni por Illumina de *Acidithiobacillus ferrooxidans*, un miembro comúnmente encontrado en el ambiente de Río Tinto (Amils et al. 2014). Y más aún cuando la muestra **Mag** está cercana a la base donde fluye el río al brotar del subsuelo, lo que podría ser debido a su degradación rápida a causa de la actividad de otros microorganismos heterótrofos y cuya materia orgánica impulsaría la diversidad microbiana identificada en esta muestra.-

También es oportuno remarcar la ausencia de señal de hibridación frente a la sonda específica para *Acidovorax* en **Mag**. En este caso el número de lecturas identificadas de este género en la muestra fueron muy bajas por lo que existe la posibilidad de que el número bajo de células haya imposibilitado su identificación por hibridación. Sería recomendable realizar nuevas hibridaciones con el fin de determinar el papel de este interesante microorganismo, capaz de oxidar Fe en condiciones anaerobias, en la muestra **Mag**.

En cuanto al dominio Archaea, se encontraron señales positivas de hibridación en todas las muestras para la sonda específica de Euryarchaeota (EURY 806, figura 89, apéndice L), excepto en la muestra de **Hem**, confirmando los resultados de hibridación obtenidos con la sonda genérica para Archaea (ARCH 915, figura 59) que fueron también negativas para esta

muestra, a pesar de haberse encontrado una secuencia por Illumina que las identificaba en la muestra, lo que indica que la importancia de las Archaea en **Hem** debe ser poco significativa a diferencia de la muestra **Mag** donde pueden tener un mayor peso. Este hecho podría deberse a las diferentes condiciones fisicoquímicas de las muestras, ya que por ejemplo *Ferroplasma* es un acidófilo oxidador de Fe (II) que requiere la presencia de quimiolitótrofos como *Acidithiobacillus* o *Leptospirillum* que bajen el pH del sistema para poder desarrollarse (Golyshina et al., 2000) lo que debe suceder en la muestra **Mag**. Obviamente también habría que considerar la distinta mineralogía existente entre ambas muestras.

El 0,5% de las lecturas que han sido identificadas como Archaea en la secuenciación Illumina de **Mag** correspondieron a miembros del género *Methanomethylovorans*, una arquea metanogénica que utiliza metanol como dador de electrones (Jiang et al., 2005), por lo que en dicha muestra podría darse actividad metanogénica, proceso metabólico que se da si las condiciones son lo suficientemente reductoras, algo que es más factible de que ocurra en la muestra **Mag** que en la muestra **Hem**, dadas las características mineralógicas observadas de su estado de oxidación (apartado 4.1.1). Sin embargo, la hibridación con una sonda específica de Methanosarcinales (MSSH 859) resultó negativa en todas las muestras, lo que podría deberse a su baja abundancia en las muestras estudiadas. Teniendo en cuenta que ya ha habido detección de actividad metanogénica en sedimentos anaerobios del cauce del Río Tinto (Sanz et al., 2011), no es descartable la presencia de actividad metanogénica en **Mag**.

6 DISCUSIÓN FINAL

Los resultados obtenidos muestran claras diferencias en la composición elemental de las muestras rocosas del Origen y las de Berrocal, lo cual puede ser explicado por las particularidades de cada punto de muestreo (apartado 4.1 y 5.1; Fernández-Remolar et al., 2003).

Las muestras de la unidad litoestratigráfica del Origen no tienen una fuerte influencia directa del cauce del río, ya que en esta zona el flujo de agua es muy bajo y únicamente está en contacto con la base de la unidad (**Mag**) a la que erosiona. Conforme pasa el tiempo progresivamente se pierde la poca influencia del flujo y se observa una importante transición mineralógica desde minerales de hierro menos oxidados como la limonita, en la muestra **Mag**, a minerales más oxidados como la hematita en la muestra **Hem** (apartado 5.1.1).

Estas observaciones de mineralogía, obtenidas por XRD (apartado 5.1.1), muestran una clara diferencia en los estados de oxidación de **Hem** y **Mag**. Además, los análisis bioinformáticos muestran que la comunidad microbiana en **Hem** tiene procesos metabólicos más oxidantes que en **Mag** (apartado 5.6.3), reforzando la idea de una evolución geoquímica temporal en la unidad litoestratigráfica del Origen que va acompañada de una evolución de la composición de la comunidad microbiana (figura 60).

Se han identificado numerosos taxones microbianos en las diferentes muestras del Origen y de Berrocal. Las distintas técnicas aplicadas (secuenciación, hibridación y cultivos de enriquecimiento) han revelado la presencia de microorganismos comunes que se encuentran en las diferentes muestras (ej. *Acidiphilium*, *Acidovorax*, *Acinetobacter*, *Clostridium*, *Ralstonia*) mientras que algunos microorganismos se han observado asociados a determinados estados de oxidación, como por ejemplo el género *Sulfobacillus* detectado en **Mag** y **P1** pero no en **Hem** o miembros del phylum Acidobacteria, ampliamente detectado en **Hem** por diferentes técnicas a diferencia de **Mag** y **P1**, detectado ocasionalmente (apartado 5.6.1).

Las tablas 20 y 21, que se encuentran al final de esta discusión, muestran un resumen de los resultados de diversidad obtenidos mediante las diferentes metodologías utilizadas en este trabajo en el que se observan las similitudes y diferencias de microorganismos y grupos taxonómicos presentes con sus abundancias relativas, con el fin de disponer de una visión global de las características biogeoquímicas y de biodiversidad de las diferentes muestras ambientales estudiadas.

Aparte de una transición geoquímica y mineralógica, la microbiología estudiada en las muestras de la unidad litoestratigráfica del Origen, **Mag** y **Hem**, refleja una transición ecológica definida (figura 61 y 62 respectivamente), con una menor diversidad microbiana y metabólica asociada al estado de menor oxidación del sistema (**Mag**) y que, conforme aumenta el estado oxidado

del sistema (**Hem**) aumenta tanto la diversidad microbiana como la diversidad metabólica de la comunidad (figura 60; apartados 4.6.2 y 4.6.3).

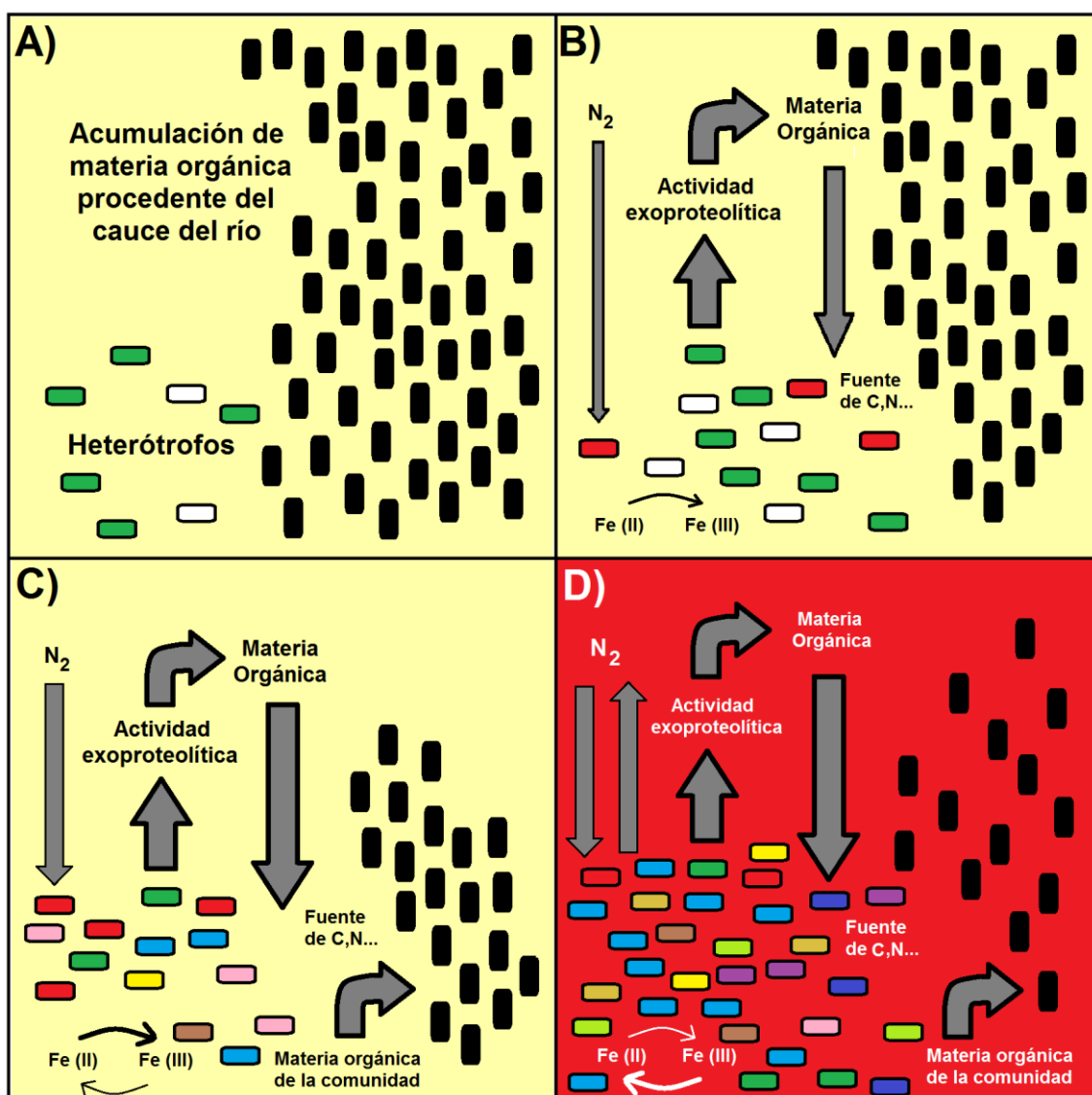


Figura 60: Hipótesis de la evolución temporal de la comunidad microbiana de la unidad litoestratigráfica del Origen. La materia orgánica inicialmente acumulada por el río es utilizada por microorganismos heterótrofos (A) generándose una primera comunidad microbiana sobre la roca, cuya fuente principal de C, N y energía es la materia orgánica acumulada (B). Conforme pasa el tiempo la comunidad depende menos de esa fuente de N y la actividad microbiana sobre la superficie de la roca provoca cambios geoquímicos (C). Finalmente, la comunidad microbiana es metabólicamente sostenible e independiente del aporte de materia orgánica exterior (D). Observar que conforme pasamos de A a D se ha producido la oxidación generalizada del sistema y un aumento en la diversidad de la comunidad microbiana (representado por distintos colores) así como la aparición de procesos energéticos como la desnitrificación cuando el N ya no es un recurso limitante en el sistema.

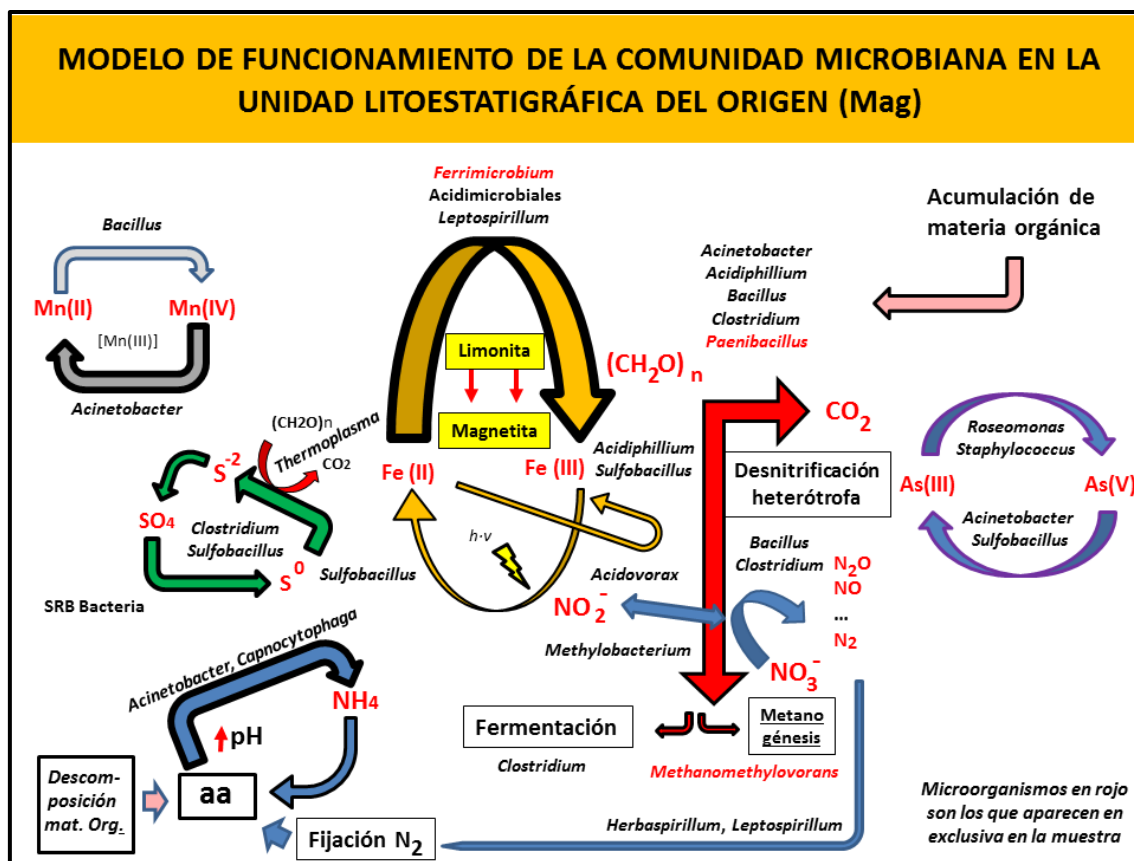


Figura 61: Modelo geomicrobiológico de la muestra Mag, en la unidad litoestratigráfica del Origen. En amarillo, el ciclo del Fe; en rojo, el ciclo del C; en azul el ciclo del N; en verde, el ciclo del S; en azul-violeta, el ciclo del As y en azul pálido el ciclo de Mn. $h\nu$ hace referencia a que la luz puede reducir el Fe (III) un posible agente fotoprotector del ecosistema (Gómez et al., 2007). El grosor de las flechas indica la importancia de la ruta en el sistema; en negro se indican algunos de los principales microorganismos encontrados y en rojo los exclusivos de la muestra.

En **Mag** es evidente una mayor presencia de microorganismos oxidadores de Fe, como *Ferrimicrobium*, un género del phylum Actinobacteria. Este género y numerosas secuencias no identificadas más allá del nivel de orden (Acidimicrobiales) están presentes entorno a un 20% de abundancia relativa tanto por secuenciación Sanger como por Illumina. Esto es particularmente interesante por el hecho de que las Acidimicrobiales son un grupo taxonómico dentro de las Actinobacterias que se caracterizan por ser todas ellas oxidadoras de hierro (Stackebrandt et al., 1997). Sin embargo, microorganismos oxidadores comunes de hierro en el sistema de Río Tinto como *Acidithiobacillus* no fue identificado ni por secuenciación ni por hibridación y *Leptospirillum* sólo fue identificado por hibridación y un pequeño porcentaje de lecturas en el cultivo de enriquecimiento pero no directamente en la muestra.

En **Hem** destacan microorganismos que se han encontrado de manera exclusiva y que poseen habilidad de fijar N_2 (ej. *Acidotherrmus*, *Bradyrhizobium*)

y sobretodo microorganismos con capacidad de utilizar compuestos orgánicos y reducir el ión férrico como *Metallibacterium* y especialmente *Acidiphillium*, identificado en gran abundancia en **Hem**; también se ha observado microorganismos capaces de realizar procesos de desnitrificación (ej. *Ralstonia*, *Acidobacteria*), tal y como se observó en los análisis bioinformáticos realizados (apartado 5.6.3.2).

También destaca la presencia en **Mag** respecto de **Hem** de microorganismos que poseen metabolismos que requieren condiciones reductoras para llevarse a cabo, como la metanogénesis (género *Methanometylovorans*) o la sulfatoreducción (SRB) con la identificación por hibridación de SRB y por secuenciación masiva de microorganismos de la familia Peptococcaceae, Peptostreptococcaceae y, sobretodo, de microorganismos pertenecientes al género *Thermoplasma*, una Archaea acidófila anaerobia facultativa ampliamente identificada en la secuenciación masiva, lo que está en consonancia con el hecho de que sea el sistema más reducido de la unidad litoestratigráfica. También se identificaron en las muestras microorganismos involucrados con otros ciclos biogeoquímicos, como el del Mn o el del As en **Mag** y **Hem**, pero no parecen ser tan importantes en estos revestimientos, especialmente el del Mn.

Es interesante mencionar en este contexto que hay autores que consideran que el metabolismo del azufre favorece la aparición de asociaciones simbióticas entre microorganismos (Overmann and van Gemerden, 2000), identificándose en las muestras de la unidad litoestratigráfica del Origen microorganismos descritos como potenciales simbioses (ej. *Photobacterium* en **Mag** y especialmente CPR en **Hem**), lo que podría indicar la existencia de algún tipo de presión selectiva que favorezca la cooperación metabólica entre distintos tipos de microorganismos para poder obtener el C, N y la energía necesaria para subsistir en el revestimiento.

Aunque en mayor o menor medida en todas las muestras analizadas aparecen microorganismos heterótrofos, es interesante observar que el análisis bioinformático de las comunidades microbianas más oxidadas, **Hem** y **P1**, destaca una mayor representación de las rutas metabólicas implicadas en la síntesis de compuestos antimicrobianos como la Vancomicina y β -Lactámicos (ko01501 y ko01502, figura 48-B, apartado 5.6.3.3) que podrían ser producidos por las comunidades microbianas de estas muestras para disminuir la competencia interespecífica facilitando la obtención de fuentes de C, N y energía en un sustrato altamente oligotrófico, aunque para confirmar este punto serían necesarios experimentos de laboratorio con aislados o mezclas de los microorganismos presentes en estos revestimientos con el fin de demostrar su operatividad.

Dadas las observaciones realizadas en los sedimentos de Berrocal (**Berr**, apartado 5.6.1.2.1), una posible explicación para el mantenimiento de las comunidades, así como el aumento de diversidad durante la maduración de los revestimientos de la unidad litoestratigráfica del Origen podría ser la

acumulación de materia orgánica (figura 60). Esta acumulación propiciaría su utilización por microorganismos heterótrofos impulsando la actividad metabólica de las comunidades microbianas al proveer una importante fuente de C y, sobretodo, de N, un factor limitante del crecimiento.

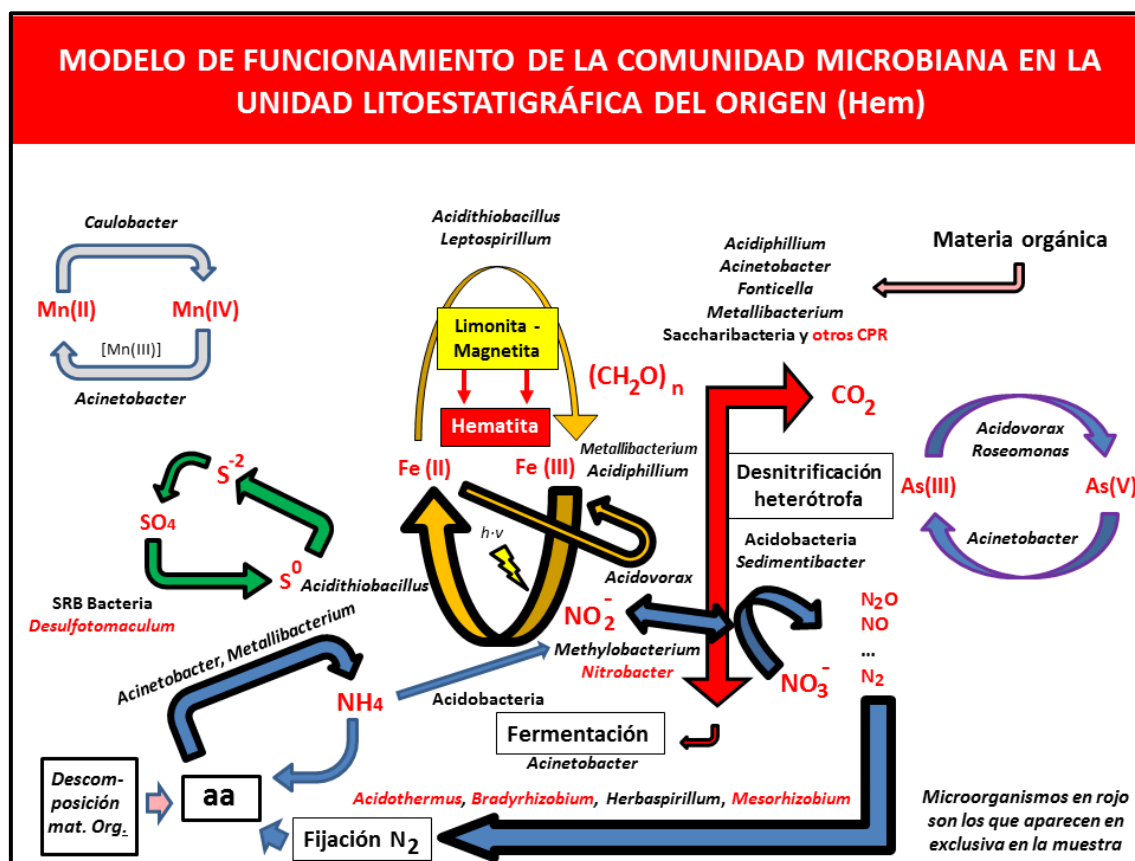


Figura 62: Modelo geomicrobiológico de la muestra Hem, en la unidad litoestratigráfica del Origen. En amarillo, el ciclo del Fe; en rojo, el ciclo del C; en azul el ciclo del N; en verde, el ciclo del S; en azul-violeta, el ciclo del As y en azul pálido el ciclo de Mn. $h\nu$ hace referencia a que la luz puede reducir el Fe (III) un agente fotoprotector del ecosistema (Gómez et al., 2007). El grosor de las flechas indica la importancia de la ruta en el sistema; en negro se indican algunos de los principales microorganismos encontrados y en rojo los exclusivos en la muestra.

El crecimiento microbiano requiere N, pero la fijación biológica de N_2 requiere un alto coste energético, esto implica que en el ambiente oligotrófico de las superficies rocosas debe de existir un aumento de la presión selectiva que favorezca el reciclaje, lo más efectivo posible, del nitrógeno presente en el sistema, una idea en consonancia con trabajos experimentales realizados (Navarro-González et al., 2001) y con los resultados presentados en este trabajo.

Cuando la biomasa en la comunidad es lo suficientemente grande se pueden favorecer metabolismos más adecuados a las condiciones más oxidantes del sistema (**Hem**), favoreciendo metabolismos que permitan obtener una mayor

cantidad de energía, como la desnitrificación (apartado 5.6.3.2). Lo que de alguna manera indica es que la cantidad de N presente en la comunidad es lo suficientemente abundante como para no requerir su reciclaje, favoreciendo procesos como la desnitrificación, un sistema alternativo de obtención de energía. Los análisis isotópicos realizados muestran que en la muestra **Hem** se observa una importante pérdida de nitrógeno con respecto a la muestra **Mag** (apartado 5.4) lo cual estaría de acuerdo con el análisis bioinformático del metabolismo del N (apartado 5.6.3.2) y la diversidad metabólica observada en ambas muestras (figuras 61 y 62).

Por lo tanto, las observaciones realizadas en la unidad litoestratigráfica del Origen parecen indicar que un aumento de la diversidad permite llevar a cabo procesos metabólicos más complejos, con mayor producción de energía y aprovechamiento de los recursos disponibles, facilitando la supervivencia en un ambiente oligotrófico como el revestimiento de las rocas. La presencia de microorganismos del reciente superphylum Patescibacteria (CPR) en la muestra **Hem** podría estar relacionada con su importante papel en el reciclado de materia orgánica y de N en esta comunidad (Castelle et al., 2018). También cabe resaltar la posible presencia de microorganismos procarióticos fotosintéticos, aunque su identificación no ha podido ser claramente confirmada tal y como se discute en la sección de resultados. Por otra parte, conocemos la existencia e identificación en el sistema de estudio de microorganismos fotótrofos eucarióticos (Aguilera et al., 2007), los cuales pueden aportar biomasa como fuente de C, N y energía en las muestras.

A nivel geomicrobiológico algo similar a lo descrito para la unidad estratigráfica del Origen puede suceder en la muestra de revestimiento de roca de la zona de Berrocal. En los sedimentos de Berrocal (**Berr**, figura 63) se observa una gran actividad heterótrofa, probablemente nutriéndose de la biomasa de microorganismos quimiolitotrofos acumulados en el margen del río, convenientemente degradada por las exoproteinasas de microorganismos, como *Metallibacterium*. Esto les permite obtener una fuente de C y de N, que a su vez gracias a la desaminación de los aminoácidos provoca un aumento local del pH, favoreciendo que otros microorganismos puedan prosperar en estos micronichos al margen de las condiciones ácidas globales en las que se encuentra el ecosistema. Por lo que los sedimentos de Berrocal (**Berr**) pueden ser un buen ejemplo del inicio del desarrollo de las comunidades microbianas sobre las superficies rocosas de esta zona de la cuenca del río Tinto, permitiendo evaluar las distintas variables del sistema y su evolución temporal (pH, oxidación de metales pesados...).

La inundación periódica de los revestimientos de roca en la ubicación de Berrocal debido al aumento de caudal del cauce del río en la zona en la época lluviosa introduce una importante variable que no se observa en la zona del Origen, en donde el flujo es mínimo y constante. Por lo tanto, es factible un reciclaje parcial no sólo de la composición de elementos del revestimiento, sino también de los microorganismos presentes en el revestimiento.

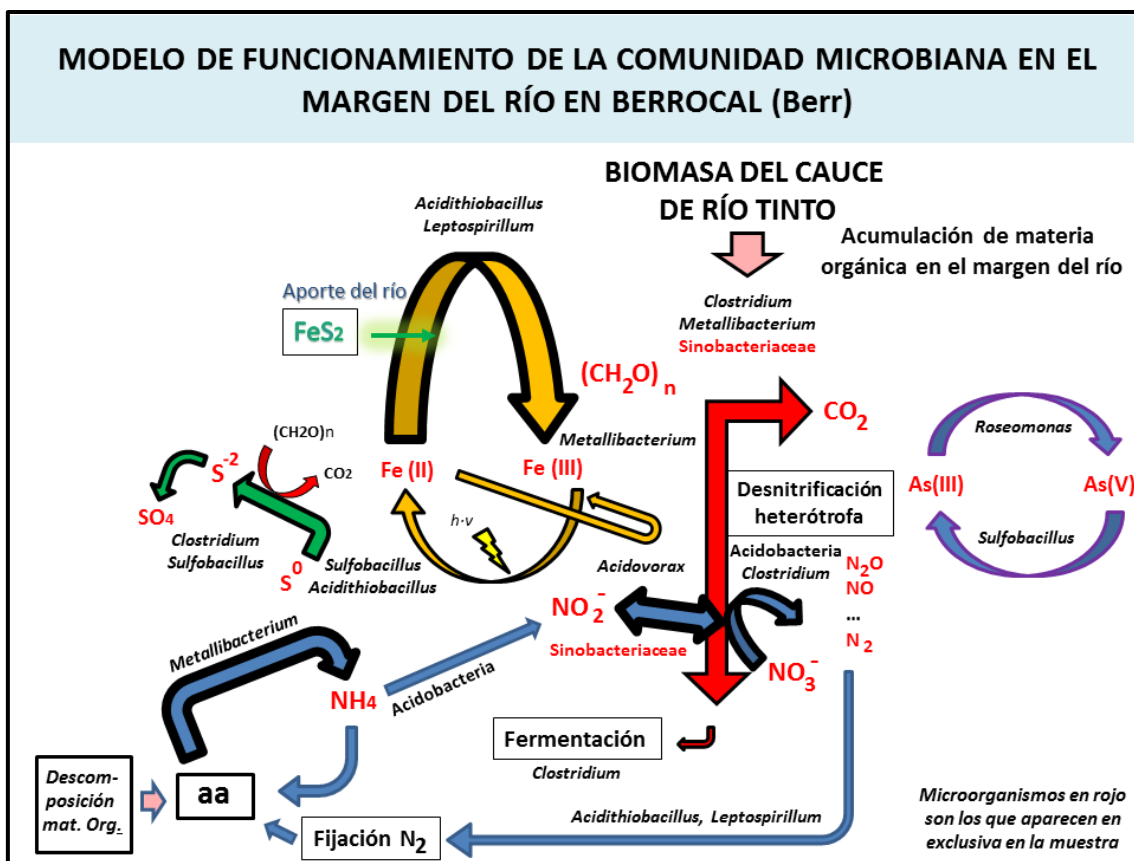


Figura 63: Modelo geomicrobiológico de la muestra Berr de la zona de Berrocal. En amarillo, el ciclo del Fe; en rojo, el ciclo del C; en azul el ciclo del N; en verde, el ciclo del S; en azul-violeta, el ciclo del As. $h\nu$ hace referencia a que la luz puede reducir el Fe (III) un agente fotoprotector del ecosistema (Gómez et al., 2007). El grosor de las flechas indica la importancia de la ruta en el sistema; en negro se indican algunos de los principales microorganismos encontrados y en rojo se indican los encontrados de manera exclusiva en la muestra.

Esta hipótesis explicaría porqué la comunidad microbiana identificada en la muestra **P1** alcanza un nivel de complejidad intermedia entre la observada en **Mag** y **Hem**, esta última con un mayor grado de oxidación mineralógica. Un elemento importante a tener en cuenta y que no debemos perder de vista es intentar averiguar si la comunidad microbiana identificada en **P1** es responsable de los cambios mineralógicos observados en este revestimiento (apartado 5.6.1.2.2 y figuras 47 y 64).

La modificación parcial y recurrente de las condiciones geoquímicas del revestimiento de Berrocal (**P1**) debido a los cambios de flujo del río debe influir en las condiciones de formación del revestimiento, impidiendo que progrese en su metamorfosis mineralógica a un estado de completa oxidación del hierro tal y como se observa en **Hem**. De ahí que en **P1** se observen minerales poco comunes como la chamosita férrica, que es difícil de observar en la naturaleza, y que se encuentra generalmente asociado a depósitos de hierro (apartado 5.1.2).

A pesar de la dificultad inherente debido a las características ácidas extremas del ecosistema, ha sido posible observar en **P1** mediante el análisis por SEM la presencia de elementos no identificados en las muestras de revestimiento de roca del Origen (**Mag** y **Hem**), tales como el Mn o As, en forma de deposiciones en determinadas zonas de la muestra **P1**, asociadas a la presencia de materia orgánica (apartado 5.2.2.1), lo que podría indicar el posible papel de los microorganismos de la comunidad en los cambios mineralógicos observados en este revestimiento.

Por otra parte, la identificación de microorganismos en **P1** como *Acinetobacter*, *Bacillus*, *Caulobacter* (bastante abundante respecto de **Hem**) y algunos presentes de manera exclusiva en este revestimiento de roca, como *Arthrobacter* y *Paeniglutamicibacter*, son capaces todos ellos de oxidar y/o reducir metales pesados (Tebo et al. 2005; Carmichael and Bräuer, 2015), algunos con la habilidad de generar deposiciones acopladas con polímeros extracelulares (Ghiorse and Hirsch, 1979; apartado 5.6.1.2.2), y la observación de precipitados de Mn por SEM (apartado 5.2.2.1), sugieren que determinados procesos únicamente identificados en Berrocal son debidos a la influencia de los cambios de flujo del cauce del río, reflejando cambios a nivel local en el pH del revestimiento que pueden estar alejados de las condiciones ácidas extremas imperantes en el sistema, como la presencia de Ca identificada por SEM (apartado 5.2.2.1). De hecho, es previsible que elementos como el Ca o el Mn puedan acumularse en mayor cantidad en los revestimientos situados más alejados del margen del río, ya que están menos expuestos a la lixiviación ácida por el agua del río.

Las evidencias apuntan a la idea de que la deposición en el revestimiento de roca de Berrocal (muestra **P1**) de cationes como Mn, Ca, As o Fe es inducida biológicamente de manera directa y/o indirecta, compatible con descripciones recientes en la que se postula una transferencia electrónica extracelular entre minerales semiconductores y comunidades bacterianas electroactivas en barniz de roca (Ren et al., 2019), con una participación importante del pH y la composición química del agua presente en el ambiente y que incide de manera local en la superficie del revestimiento. El flujo de agua favorecería la disolución y renovación de ciertos componentes, mientras que el pH determinaría qué elementos quedan fuertemente anclados sobre la superficie de la roca o cuales se lixivian de la superficie del revestimiento, impidiendo acumularse de manera progresiva e a lo largo del tiempo, como por ejemplo el Mn.

Teniendo en cuenta que en el ecosistema del Tinto es más común encontrar hierro en solución que el manganeso, la lixiviación por el agua ácida explicaría por qué el revestimiento de roca **P1** posee un menor enriquecimiento en manganeso y en REEs respecto a la UCC que los revestimientos de roca encontrados en los desiertos y ambientes semiáridos, donde la menor influencia del agua favorece mayores ciclos de acumulación del material polvoriento, una de las principales fuentes de elementos de este tipo de barnices de roca (Macholdt et al., 2017).

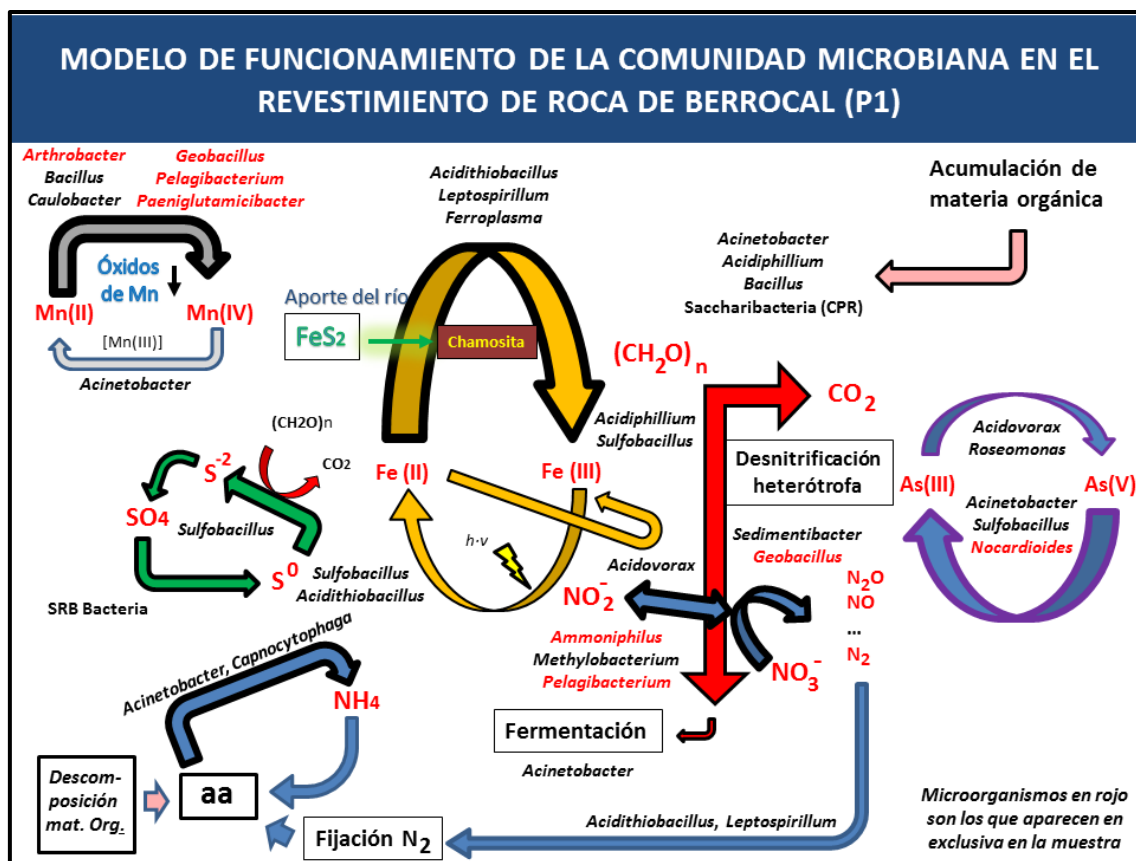


Figura 64: Modelo geomicrobiológico de la muestra P1, el revestimiento de roca situado en la cuenca de Berrocal. En amarillo, el ciclo del Fe; en rojo, el ciclo del C; en azul el ciclo del N; en verde, el ciclo del S; en azul-violeta, el ciclo del As y en azul pálido el ciclo de Mn. *h-v* hace referencia a que la luz puede reducir el Fe (III) un agente fotoprotector del ecosistema (Gómez et al., 2007). El grosor de las flechas indica la importancia de la ruta en el sistema; en negro se indican algunos de los principales microorganismos encontrados y en rojo los encontrados de manera exclusiva en la muestra.

Además, a diferencia de las muestras del Origen **Hem** y **Mag**, en **P1** se observan por SEM estructuras lisas, no botroidales y con diferentes elementos como Pb, Mn o As, lo que corrobora los resultados obtenidos por ICP-MS sobre la deposición de este tipo de elementos en el revestimiento de roca de Berrocal. Esta deposición se debe probablemente al cauce del río que deposita una fina capa de sedimento sobre la roca que finalmente acaba por embeberse en la matriz mineral del revestimiento, facilitando la actividad microbiana su precipitación y fijación sobre la roca. La hipótesis de la deposición de sedimento en el revestimiento **P1** está de acuerdo con el valor negativo del cociente $\delta^{13}C/\delta^{12}C$ medido, típico de acumulación de materia orgánica (Vitoria et al., 2004).

Algunos de los microorganismos singulares encontrados en **P1** han sido descritos anteriormente en el sistema de Río Tinto y en lagos de drenaje ácido de minas enriquecidos en Mn (Santofimia et al., 2013) en los que se observó correlaciones fuertemente positivas con elementos como Mn o Ca así como

una correlación negativa con Ba, similar a lo que se ha observado en el revestimiento **P1**, aunque en nuestro caso en roca y no en la columna de agua.

Estos autores encontraron que el pH correlaciona negativamente con la presencia de estos microorganismos en los lagos ácidos de drenaje de minas estudiados, y aunque en nuestro caso la medida del pH en **P1** no fue posible, la tendencia observada para estos microorganismos en esos lagos ácidos permite sugerir que la comunidad de microorganismos en la muestra **P1** podría tener una cierta independencia de las condiciones fisicoquímicas del sistema, algo que apoyaría las observaciones de la presencia de microorganismos como *Metallibacterium* en Berrocal, capaz de modificar el pH del ambiente circundante como consecuencia de su actividad metabólica (Bartsch et al., 2017).

Se ha observado que las películas de hierro y los barnices de roca descritos en la literatura científica (apartado 2.2) tienen similitudes con las diferentes muestras de revestimientos de roca analizadas en la cuenca de Río Tinto. La mineralogía y elementos presentes en **Hem**, **Mag** y **Ror** permiten considerar estas muestras como películas de hierro (apartado 5.3). La comparación de estos revestimientos con las características descritas para los barnices de roca muestra un claro alejamiento de las mismas, lo que refuerza el argumento de considerarlas como películas de hierro (ej. Marnocha et al., 2014). Sin embargo, las características detectadas en **P1** son claramente distintas del resto de los revestimientos analizados (**Hem**, **Mag** y **Ror**) y similares a las descritas para los barnices de roca.

La mineralogía y geoquímica observadas en **P1** es similar a la de los barnices de roca (presencia de arcillas como la Illita, gran cantidad de Fe, enriquecimiento de 3 a 5 veces de Li). Por otro lado, el análisis de la parte externa respecto la parte interna del revestimiento, que es donde la deposición mineral se asienta, revela un enriquecimiento a nivel local en ciertos elementos químicos compatible con datos observados de otros barnices de roca (Dorn, 2007; Macholdt et al., 2017). Sin embargo, las particularidades de la físico-química de las aguas del río Tinto enmascaran algunas de las características del barniz de roca de Berrocal.

Las condiciones de reincidencia estacional del agua del cauce del río en Berrocal permite argumentar por qué no se han detectado de manera abundante óxidos de manganeso, una de las características principales de un barniz de roca, ya que estamos en un ambiente hídrico ácido extremo que favorece la disolución de óxidos de manganeso (Macholdt et al., 2017), además de la dificultad intrínseca de su detección por técnicas como el XRD y de que la gran cantidad de hierro presente en el sistema enmascara la detección de otros óxidos (Barrón and Torrente, 2013).

La comparación de **P1** con barnices de roca de otros lugares indica que tiene características únicas respecto a otro tipo de barnices (baja cantidad de Mn, ubicación en un ambiente hídrico ácido); por otra parte los análisis de PCA revelaron una cierta proximidad del revestimiento **P1** con las muestras de

barniz tipo V clasificados por Macholdt et al., 2017, aunque hay que tener en cuenta que los análisis realizados no permiten distinguir entre diferentes barnices tipo V, debido al hecho de que la influencia hídrica particular de cada ambiente genera unos valores de cocientes de elementos diferentes (apartado 5.3).

Dadas las características descritas anteriormente, así como la presencia en **P1** de microorganismos que como *Acinetobacter*, *Arthrobacter* o Acidobacterias han sido recurrentemente asociados a barnices de roca bien caracterizados (ej. Kulhman et al., 2008), consideramos que el revestimiento de roca de la muestra **P1** corresponde a un barniz de roca tipo V peculiar, debido a las condiciones del ambiente ácido extremo en el que se desarrolla. Este barniz de roca es el primero que se ha descrito asociado a las condiciones ácidas extremas existentes en Río Tinto. Sería conveniente caracterizar otros revestimientos de roca en ambientes ácidos extremos con el fin de determinar si definitivamente corresponden al tipo V o pudieran constituir una nueva clase de barniz de roca.

Tabla 20: (Página siguiente) **Grupos taxonómicos identificados a nivel de dominio, phylum y orden en las diferentes muestras analizadas con diferentes técnicas de ecología microbiana.** Las celdas muestran por un lado las abundancias relativas obtenidas de la secuenciación (apartado 4.6.1) y por otro lado, la presencia o ausencia de hibridación (apartado 4.6.4). El color en la columna del grupo taxonómico indica si se trata de Dominio, Phylum, Clase u Orden. Para su inclusión en la tabla se han seleccionado aquellas que superan el 1% en alguna muestra o bien han sido detectadas por lo menos por dos metodologías. Se incluye en la parte inferior derecha un resumen de los parámetros ecológicos de interés de las muestras ambientales y de los cultivos de enriquecimiento en función del tipo de secuenciación empleado. [1]: Incluye lecturas identificadas como cloroplastos. [2]: Confirmado con PCR específica. [3]: Taxón microbiano recientemente descrito (CPR; Hug et al., 2016). [4]: Se indica en la fila la señal de hibridación con la sonda SRB. [5] Detectado, pero no computado al no ser confirmado por la PCR específica realizada.

	Zona Origen									Zona Berrocal						
	Mag				Hem			Ror	Berr			P1				
Grupo Taxonómico identificado	SG	ILLU	CE	Hbr	SG	ILLU	CE	Hbr	SG	SG	CE	Hbr	ILLU	CE	Hbr	
Archaea								NEG								
Euryarchaeota								NEG								
Methanosarcinales				NEG				NEG				NEG			NEG	
Bacteria																
Acidobacteria															NEG	
Actinobacteria																
Acidimicrobiales																
Frankiales																
Micrococcales																
Solirubrobacterales																
Armatimonadetes																
Bacteroidetes				NEG				NEG				NEG				
Bacteroidales																
Cytophagales																
Flavobacteriales																
Sphingobacteriales																
Chloroflexi																
Cyanobacteria [1]		ND		NEG		ND			[2]		ND	NEG	ND		NEG	
Firmicutes															NEG	
Bacillales																
Clostridiales																
Patescibacteria [3]																
Parcubacteria																
Saccharibacteria																
Planctomycetes																
α-Proteobacteria																
Caulobacterales																
Rhizobiales																
Rhodobacterales																
Rhodospirillales																
Sphingomonadales																
β-Proteobacteria												NEG				
Burkholderiales																
Methylophilales																
γ-Proteobacteria																
Nevskiales																
Pseudomonadales																
Xanthomonadales																
δ-Proteobacteria [4]												NEG				
	SG	ILLU	CE	Hbr	SG	ILLU	CE	Hbr	SG	SG	CE	Hbr	ILLU	CE	Hbr	
	Mag				Hem			Ror	Berr			P1				
SG = Sanger / ILLU = Illumina / CE = Cultivo de enriquecimiento / Hbr = Hibridación in situ																
SECUENCIACIÓN DEL ADN		SECUENCIACIÓN DEL ADN				PARÁMETROS ECOLÓGICOS DE INTERÉS (SD= Sin datos)										
> 25% Abundancia relativa		Hibridación positiva					Muestra			SG			ILLU			
10% - 25%		Hibridación negativa				NEG				H'	J'	H' CE	H'	J'	H' CE	
3% - 10%		hibridación no realizada					Mag			1,45	0,66	SD	3,83	0,63	3,20	
1% - 3%		GRUPO TAXONÓMICO					Hem			1,80	0,78	SD	4,31	0,67	3,08	
< 1%		Dominio					Ror			1,37	0,66	SD	SD	SD	SD	
No detectado		Superphylum / Phylum / Clase					Berr			1,31	0,73	SD	SD	SD	2,24	
No determinado [5]		ND	Orden					P1			SD	SD	1,30	4,20	0,71	SD

Tabla 21: (página siguiente) **Grupos taxonómicos identificados a nivel de Género en las diferentes muestras analizadas con diferentes técnicas de ecología microbiana.** Las celdas muestran por un lado las abundancias relativas obtenidas de la secuenciación (apartado 4.6.1) y por otro lado, la presencia o ausencia de hibridación (apartado 4.6.4). Para su inclusión en la tabla se han seleccionado aquellas que superan el 1% en alguna muestra y han sido detectadas por lo menos por dos metodologías independientes. Las excepciones a este filtro, que se han considerado interesantes por las características metabólicas que pueden ejercer en el sistema, se indican con un asterisco al final del nombre del género. Se incluye en la parte inferior derecha un resumen de los parámetros ecológicos de interés de las

muestras ambientales y de los cultivos de enriquecimiento en función del tipo de secuenciación empleado.

	Zona Origen								Zona Berrocal					
Géneros identificados	Mag				Hem				Berr			P1		
Archaea	SG	ILLU	CE	Hbr	SG	ILLU	CE	Hbr	SG	CE	Hbr	ILLU	CE	Hbr
Ferroplasma														
Methanomethylovorans *														
Thermoplasma														
Bacteria	SG	ILLU	CE	Hbr	SG	ILLU	CE	Hbr	SG	CE	Hbr	ILLU	CE	Hbr
Abiotrophia														
Acidiphilium											NEG			
Acidithiobacillus				NEG										
Acidovorax *				NEG										
Acinetobacter														
Anaerococcus														
Arthrobacter *														
Bacillus														
Capnocytophaga														
Caulobacter														
Clostridium														
Desulfotomaculum *														
Ferrimicrobium *														
Fonticella														
Herbaspirillum *														
Leptospirillum														
Metallibacterium														
Methylobacterium														
Paeniglutamicibacter *														
Peptoniphilus														
Photobacterium *														
Ralstonia														
Roseomonas														
Sedimentibacter *														
Sphingomonas														
Staphylococcus														
Sulfobacillus								NEG						
	SG	ILLU	CE	Hbr	SG	ILLU	CE	Hbr	SG	CE	Hbr	ILLU	CE	Hbr
	Mag				Hem				Berr			P1		
SG = Sanger / ILLU = Illumina / CE = Cultivo de enriquecimiento / Hbr = Hibridación in situ														
SECUENCIACIÓN DEL ADN		SECUENCIACIÓN DEL ADN				PARÁMETROS ECOLÓGICOS DE INTERÉS (SD=Sin Datos)								
> 25% Abundancia relativa		Hibridación positiva				NEG		Muestra	SG			ILLU		
10% - 25%		Hibridación negativa							H'	J'	H' CE	H'	J'	H' CE
3% - 10%		hibridación no realizada						Mag	1,45	0,66	SD	3,83	0,63	3,20
1% - 3%		GRUPO TAXONÓMICO						Hem	1,80	0,78	SD	4,31	0,67	3,08
< 1%		Dominio						Ror	1,37	0,66	SD	SD	SD	SD
No detectado		Género						Berr	1,31	0,73	SD	SD	SD	2,24
								P1	SD	SD	1,30	4,20	0,71	SD

7 CONCLUSIONES

- Las muestras del Origen dadas las características morfológicas y geoquímicas pueden ser consideradas películas de hierro. Sin embargo, la roca de Berrocal, P1, es un revestimiento diferente y que dadas las características de composición química, mineralógica, observaciones microscópicas y comparación con otros barnices de roca, puede ser caracterizado como un barniz de tipo V particular por la química del ambiente hídrico en el que se desarrolla (ácido extremo).
- La conclusión anterior implica que P1 es el primer estudio de barniz de roca descrito en un ambiente natural ácido y el primero en utilizar técnicas complementarias para caracterizar los diferentes taxones microbianos presentes.
- Las Proteobacteria, Actinobacteria, Firmicutes, Chloroflexi y Acidobacteria son los phyla más abundantes en las diferentes muestras de roca estudiadas. Los resultados están en consonancia con microorganismos encontrados en trabajos anteriores en la cuenca del Río Tinto y con trabajos de caracterización microbiana de barnices de roca en otros ambientes. Se observa en la superficie de los revestimientos un cambio partiendo desde una población microbiana típica de drenaje ácido de minas a una población microbiana subaérea
- A nivel microbiológico se observa un incremento de la diversidad y un aumento de la cantidad de materia orgánica en los sistemas cuando las condiciones oxidantes aumentan sobre la superficie de los revestimientos, algo claramente observable en la unidad litoestratigráfica del Origen, implicando una pérdida de nitrógeno en el sistema que parece correlacionarse con un aumento de la complejidad en la microbiología.
- Ese aumento de complejidad en el sistema permite llevar a cabo procesos metabólicos menos favorables dadas las limitaciones ambientales del sistema en un estadio de complejidad microbiana mayor, lo que puede favorecer interacciones ecológicas entre microorganismos con tal de aprovechar los recursos metabólicos disponibles, tal y como queda reflejado con la presencia de las CPR cuando las condiciones oxidantes en el sistema son elevadas.
- Dadas las características microscópicas de las muestras y la diversidad metabólica encontrada (predominantemente heterótrofa), éstas pueden tener un importante influencia en el estado redox sobre la superficie de la roca, debido a un pH diferencial que puede generarse como consecuencia del desarrollo de la comunidad microbiana en el sistema, influyendo en los cambios mineralógicos a lo largo del tiempo.

- Se ha establecido un **modelo geomicrobiológico global** de funcionamiento de la comunidad microbiana en los diferentes revestimientos sobre la roca en el que destacan el ciclo de hierro, azufre, nitrógeno y carbono con el manganeso y, en menor medida, arsénico, maximizando la cantidad de nitrógeno disponible procedente de la degradación microbiana y usando la materia orgánica disponible como fuente de carbono y energía impulsando con la oxidación del hierro el desarrollo de las comunidades microbianas.

REFERENCIAS

- Aguilera, A.; Souza-Egipsy, V.; Gómez, F. & Amils, R. (2007). Development and structure of eukaryotic biofilms in an extreme acidic environment, Río Tinto (SW, Spain). *Microbial Ecology*, 53, 294-305.
- Allen, C.C.; Westall, F.; Schelble, R.T. (2001). Importance of a Martian hematite site for astrobiology. *Astrobiology*, 1(1), 111-123.
- Alnaimat, S.; Shattal, S. A.; Althunibat, O.; Alsbou, E.; Amasha, R. (2017). Iron (II) and other heavy-metal tolerance in bacteria isolated from rock varnish in the arid region of Al-Jafer Basin, Jordan. *Biodiversitas*, 18(3), 1250-1257.
- Altschul, S.F.; Gish, W.; Miller, W.; Myers, E.W.; Lipman, D.J. (1990). Basic local alignment search tool. *J. Mol. Biol.*, 215, 403-410.
- Amann, R.; Binder, B.J.; Olson, R.J.; Chisholm, S.W.; Devereux, R.; Stahl, D.A. (1990). Combination of 16S rRNA-targeted oligonucleotide probes with flow cytometry for analyzing mixed microbial populations. *Applied and environmental microbiology*, 56, 1919-1925.
- Amann, R.; Fuchs, B.M. (2008). Single-cell identification in microbial communities by improved fluorescence *in situ* hybridization techniques. *Nature Reviews*, 6, 339-348, doi: 10.1038/nrmicro1888.
- Amils, R.; Fernández-Remolar, D.; IPBSL Team (2014). Río Tinto: a geochemical and mineralogical terrestrial analogue of Mars. *Life*, 4, 511-534, doi:10.3390/life4030511.
- Apprill, A.; McNally, S.; Parsons, R.; Weber, L. (2015). Minor revision to V4 region SSU rRNA 806R gene primer greatly increases detection of SAR11 bacterioplankton. *Aquatic Microbial Ecology*, 75(2), 129–137.
- Ashelford, K.E.; Chuzhanova, N.A.; Fry, J.C.; Jones, A.J.; Weightman, A.J. (2006). New screening software shows that most recent large 16S rRNA gene clones libraries contains chimeras. *App. Envir. Microbiol.*, 72, 5734-5741.
- Azúa-Bustos, A.; Fairén, A.G.; González-Silva, C.; Ascaso, C.; Carrizo, D.; Fernández-Martínez, M.A.; Fernández-Sampedro, M.; García-Descalzo, L.; García-Villadangos, M.; Martín-Redondo, M.P.; Sánchez-García, L.; Wierzbos, J.; Parro, V. (2018). Unprecedented rains decimate surface microbial communities in the hyperarid core of the Atacama Desert. *Nature*, 8, 16706, doi: 10.1038/s41598-018-35051-w.
- Bagade, V.; Bachate, P.S.; Dholakia, B.B.; Giri, A.P.; Kodam, K.M. (2016). Characterization of Roseomonas and Nocardioide spp. for arsenic transformation, *Journal of Hazardous Materials*, 318, 742-750, doi: 10.1016/j.jhazmat.2016.07.062.

- Banfield, J.F.; Zhang, H. (2001). Nanoparticles in the environment. In: *Nanoparticles and the environment* (Banfield, J.F.; Navrotsky, A., editors). Reviews in Mineralogy and Geochemistry, 44, Washington, D.C., pp. 1-58.
- Barrón, V; Torrente, J. (2013). Iron, manganese and aluminium oxides and oxyhydroxides. *EMU Notes in Mineralogy*, 14(9), 297-336.
- Bartsch, S.; Gensch, A.; Stephan, S.; Doetsch, A.; Gescher, J. (2017). *Metallibacterium scheffleri*: genomic data reveal a versatile metabolism. *FEMS Microbiol Ecol.*, 93 (3), fix01, doi: 10.1093/femsec/fix011.
- Battistuzzi, F.U.; Hedges, S.B. (2009). A major clade of prokaryotes with ancient adaptations to life on land. *Mol. Biol. Evol.*, 26(2), 335-343, doi: 10.1093/molbev/msn247.
- Bennett, K.W.; Eley, A. (1993). *Fusobacteria*: New taxonomy and related diseases. *Journal of Medical Microbiology*, 39(4), 246-254, doi: 10.1099/00222615-39-4-246.
- Berardinis, V.; Durot, M.; Weissenbach, J.; Salanoubat, M. (2009). *Acinetobacter baylyi* ADP1 as a model for metabolic system biology. *Opinion in Microbiology*, 12, 568-576, doi: 10.1016/j.mib.2009.07.005.
- Björnsson, L.; Hugenholtz, P.; Tyson, G.W.; Blackall, L.L. (2002). Filamentous Chloroflexi (green non-sulfur bacteria) are abundant in wastewater treatment processes with biological nutrient removal. *Microbiology*, 148, 2309-2318.
- Boetius, A.; Ravensschlag, K.; Schubert, C.J.; Rickert, D.; Widdel, F.; Gieseke, A.; Amann, R.; Jørgensen, B.B.; Witte, U.; Pfannkuche, O. (2000). A marine microbial consortium apparently mediating anaerobic oxidation of methane. *Nature*, 407(6804), 623-626.
- Bohu, T.; Akob, D.M.; Abratis, M.; Lazar, C.S.; Küsel, K. (2016). Biological low-Ph Mn (II) oxidation in a manganese deposit influenced by metal-rich groundwater. *Appl. Envir. Microbiol.*, 82(10), 3009-3021.
- Bond, P.; Banfield, J. (2001). Design and performance of rRNA targeted oligonucleotide probes for *in situ* detection and phylogenetic identification of microorganisms inhabiting acid mine drainage environments. *Microbial ecology*, 41, 149-161.
- Borda, M.J.; Elsetinow, A.R.; Schoonen, M.A.; Strongin, D.R. (2001). Pyrite-induced hydrogen peroxide formation as a driving force in the evolution of photosynthetic organisms on an early Earth. *Astrobiology*, 1(3), 283-288.
- Boswell, C.D.; Dick, R.E.; Eccles, H.; Macaskie, L.E. (2001). Phosphate uptake and release by *Acinetobacter johnsonii* in continuous culture and coupling of phosphate release to heavy metal accumulation. *J. Ind. Microbiol. Biotechnol.*, 26, 333-340.

Bradley, R.; Boado, F. C.; Valcarce, F. (1994). Rock art research as landscape archaeology. A pilot study in Galicia, North-West Spain. *World Archaeology*, 25(3), 374-390.

Caporaso, J.G.; Kuczynski, J.; Stombaugh, J.; Bittinger, K.; Bushman, F.D.; Costello, E.K.; Fierer, N.; González-Peña, A.; Goodrich, J.K.; Gordon, J.I.; Huttley, G.A.; Kelley, S.C.; Knights, D.; Koenig, J.E.; Ley, R.E.; Lozupone, C.A.; McDonald, D.; Muegge, B.D.; Pirrung, M.; Reeder, J.; Sevinsky, J.R.; Turnbaugh, P.J.; Walters, W.A.; Widmann, J.; Yatsunenko, T.; Zaneveld, J.; Knight, R. (2010). QIIME allows analysis of high-throughput community sequencing data. *Nat. Methods*, 7(5), 335-336. doi: 10.1038/nmeth.f.303.

Carmichael, S.K.; Bräuer, S.L. (2015). Microbial diversity and manganese cycling: a review of Mn-oxidizing microbial cave communities. In: Engel, A.S. (Ed.), *Microbial Life of Cave Systems. Life in Extreme Environments*. De Gruyter, Boston, MA, pp. 137-160.

Castelle, C.J.; Brown, C.T.; Anantharaman, K.; Probst, A.J.; Huang, R.H.; Banfield, J.F. (2018). Biosynthetic capacity, metabolic variety and unusual biology in the CPR and DPANN radiations. *Nature reviews Microbiol.*, 16, 629-645, doi: 10.1038/s41579-018-0076-2.

Castresana, J. (2000). Selection of conserved blocks from multiple alignments for their use in phylogenetic analysis. *Mol. Biol. Evol.*, 17, 550-552.

Castro, H.F.; Williams, N.H.; Ogram, A. (2000). Phylogeny of Sulfate-reducing bacteria. *FEMS Microbiol Ecol.*, 31, 1-9.

Cavaletti, L.; Monciardini, P.; Bamonte, R.; Schumann, P.; Rohde, M.; Sosio, M.; Donadio, S. (2006). New lineage of filamentous, spore-forming, Gram-Positive bacteria from soil. *Appl. Environ. Microbiol.*, 72(6), 4360-4369. doi: 10.1128/AEM.00132-06.

Chakraborty, A.; Roden, E.E.; Schieber, J.; Picardal, F. (2011). Enhanced growth of *Acidovorax* sp. strain 2AN during nitrate-dependent Fe(II) oxidation in batch and continuous-flow systems. *Appl. Environ. Microbiol.*, 77(24), 8548-8556, doi: 10.1128/AEM.06214-11.

Clark, D.A.; Norris, P.R. (1996). *Acidimicrobium ferrooxidans* gen. nov., sp. nov: mixed-culture ferrous iron oxidation with *Sulfobacillus* species. *Microbiology*, 142, 785-790.

Cole, J.R.; Wang, Q.; Fish, J.A.; Chai, B.; McGarrell, D.M.; Sun, Y.; Brown, C.T.; Porras-Alfaro, A.; Kuske, C.R.; Tiedje, J.M. (2014). Ribosomal Database Project: data and tools for high throughput rRNA analysis. *Nucleic Acids Res.*, 42, D633-D642. doi: 10.1093/nar/gkt1244.

Cornell, R. M.; Schwertmann, U. (2003). *The iron Oxides*. Wiley-VCH.

Daims, H.; Brühl, A.; Amann, R.; Schleifer, K.-H.; Wagner, M. (1999). The domain-specific probe EUB338 is insufficient for the detection of all Bacteria:

development and evaluation of a more comprehensive probe set. *Systematic and Applied Microbiology*, 22, 434-444.

Darriba, D.; Taboada, G.L.; Doallo, R.; Posada, D. (2012). jModelTest2: more models, new heuristics and parallel computing. *Nature Methods*, 9, 772.

Darwin, C. (1878). *Journal of Researches into the natural history and geology of the countries visited during the voyage of the H.M.S. Beagle round the world, under the command of captain Fitz Roy*. New York: D. Appleton.

DeSantis, T.Z.; Hugenholtz, P.; Larsen, N.; Rojas, M.; Brodie, E.L.; Keller, K.; Huber, T.; Delevi, D.; Hu, P.; Andersen, G.L. (2006). Greengenes, a chimera-checked 16S rRNA gene database and workbench compatible with ARB. *App. Envir. Microbiol.*, 72(7), 5069-5072. doi: 10.1128/AEM.03006-05.

Direito, S.O.; Marees, A.; Röling, W.F. (2012). Sensitive life detection strategies for low-biomass environments: optimizing extraction of nucleic acids adsorbing to terrestrial and Mars analogue minerals. *FEMS Microbiol Ecol.*, 81(1), 111-123, doi: 10.1111/j.1574-6941.2012.01325.x.

Dixon, J.B.; White, N. (2002). Manganese oxides. In: *Soil Mineralogy with Environmental Applications* (Dixon, J.B; Schulze, D.G., editors). SSSA Book Series, Madison, Wisconsin, USA, pp. 323–366.

Dorn, R. I.; Oberlander, T. M. (1981). Microbial origin of desert varnish. *Science*, 213, 1245-1247. doi:10.1126/science.213.4513.1245.

Dorn, R.I.; Cahill, T.A.; Eldred, R.A.; Gill, T.E.; Kusko, B.; Bach, A.; Elliot-Fisk, D.L. (1990). Dating rock varnishes by the cation method with PIXE, ICP, and the electron microprobe. *International Journal of PIXE*, 1, 157-195.

Dorn, R.I.; Krinsley, D. H. (1991). Cation-leaching sites in rock varnish. *Geology*, 19, 1077-1080.

Dorn, R. I.; Meek, N. (1995). Rapid formation of rock varnish and other rock coatings on slag deposits near Fontana. *Earth Surface Processes and Landforms*, 20, 547-560.

Dorn, R.I. (2000). Petroglyphs in Petrified Forest National Park: role of rock coatings as agents of sustainability and as indicators of antiquity. *Bulletin of Museum of Northern Arizona*, 63, 52-63.

Dorn, R.I. (2007). Rock Varnish. In Nash, D.J. & McLaren, S.J. (Eds.), *Geochemical sediments and landscapes* (Ch.8; pp.246-297). Wiley-Blackwell.

Dorn, R.I. (2013). Rock coatings. In Shroder, J. (Chief editor), Pope, G.A. (Ed.), *Treatise of Geomorphology* (Ch.4; pp.70-97). Academic Press San Diego, C.A.

Druschel, G.K.; Baker, B.J.; Gihring, T.M.; Banfield, J.F. (2004). Acid mine drainage biogeochemistry at Iron Mountain, California. *Geochemical transactions*, 5(2), 13-32.

- Elifantz, H.; Malmstrom, R.R.; Cottrell, M.T.; Kirchman, D.L. (2005). Assimilation of polysaccharides and glucose by major bacterial groups in the Delaware Estuary. *Appl. Environ. Microbiol.* 71, 7799-7805, doi: 10.1128/AEM.71.12.7799-7805.2005.
- Engel, C.G.; Sharp, R.S. (1958). Chemical data on desert varnish. *Geological Society of American Bulletin*, 69, 487-518.
- Eppard, M.; Krumbein, W.E.; Koch, C.; Rhiel, E.; Staley, J.E.; Stackebrandt, E. (1996). Morphological, physiological, and molecular characterization of Actinomycetes isolated from dry soil, rocks, and monument surfaces. *Arch. Microbiol.*, 166, 12-22.
- Escudero, C. (2018). Fluorescence microscopy for the *in situ* study of the Iberian Pyrite Belt subsurface geomicrobiology (PhD Thesis). Universidad Autónoma de Madrid.
- Escudero, C.; Vera, M.; Oggerin, M.; Amils, R. (2018). Active microbial biofilms in deep poor porous continental subsurface rocks. *Scientific Reports*, 8, 1538. doi: 10.1038/s41598-018-19903-z.
- Esposito, A.; Ahmed, E.; Ciccazzo, S.; Sikorski, J.; Overmann, J.; Holmström, S. J. M.; Brusetti, L. (2015). Comparison of rock varnish bacterial communities with surrounding non-varnish rock surfaces: taxon-specific analysis and morphological description. *Microb. Ecol.* doi:10.1007/s.00248-015-0617-4.
- Fahrbach, M.; Kuever, J.; Remesch, M.; Huber, B. E.; Kampfer, P.; Dott, W.; Hollender, J. (2008). Steroidobacter denitrificans gen. nov., sp. nov., a steroidal hormone-degrading gammaproteobacterium. *International Journal of Syst. Evol. Microbiol.*, 58(9), 2215-2223. doi:10.1099/ijs.0.65342-0.
- Fernández-Remolar, D.C.; Rodríguez, N.; Gómez, F.; Amils, R. (2003). Geological record of an acidic environment driven by iron hydrochemistry: the Tinto river system. *Journal of Geophysical research*, 108(E7), 5080, doi: 10.1029/2002JE001918.
- Fernández-Remolar, D.C.; Morris, R.V.; Gruener, J.E.; Amils, R.; Knoll, A.H. (2005). The rio Tinto basin, Spain: mineralogy, sedimentary geobiology, and implications for interpretation of outcrop rocks at Meridiani Planum, Mars. *Earth and Planetary Science Letters*, 240, 149-167, doi: 10.1016/j.epsl.2005.09.043.
- Francis, C.A.; Co, E-M.; Tebo, B.M. (2001). Enzymatic manganese (II) oxidation by a marine α -Proteobacterium. *App. Environ. Microbiol.*, 67(9), 4024-4029, doi: 10.1128/AEM.67.9.4024-4029.2001.
- Friedrich, C.G.; Bardischewsky, F.; Rother, D.; Quentmeier, A.; Fisher, J. (2005). Prokaryotic sulfur oxidation. *Current opinion Microbiol.*, 8, 253-259, doi: 10.1016/j.mib.2005.04.005.
- Fujimura, R.; Sato, Y.; Nishizawa, T.; Oshima, K.; Kim, S-W.; Hattori, M.; Kamijo, T.; Ohta, H. (2012). Complete Genome Sequence of Leptospirillum

ferrooxidans Strain C2-3, Isolated from a Fresh Volcanic Ash Deposit on the Island of Miyake, Japan. *Journal Bacteriol.*, 194(15), 4122-4123.

García-Moyano, A.; González-Toril, E.; Aguilera, A.; Amils, R. (2012). Comparative microbial ecology study of the sediments and the water column of the Río Tinto, an extreme acidic environment. *FEMS Microbiol. Ecol.*, 81, 303-314.

Garrity, G.M.; Holt, J.G. (2001). Phylum BVI. Chloroflexi phy. nov.. In Boone D.R.; Castenholz, R.W. (eds.). *The Archaea and the Deeply Branching and Phototrophic Bacteria*. In Garrity, G.M. (ed.), *Bergey's Manual of Systematic Bacteriology*, (2nd ed., Vol 1, pp. 427-446). Springer-Verlag, New York.

Ghiorse, W.C.; Hirsch, P. (1979). An ultrastructural study of iron and manganese deposition associated with extracellular polymers of Pedomicrobium-like budding bacteria: *Archives of Microbiology*, 123, 213-226.

Ghosh, W.; Mallick, S.; DasGupta, S.K. (2009). Origin of the SOX multienzyme complex system in ancient thermophilic bacteria and coevolution of its constituent proteins. *Research in Microbiology*, 160, 409-420.

Ghosh, S.; Das, A.P. (2017). Bioleaching of manganese from mining waste residues using *Acinetobacter* sp. *Geology, Ecology and Landscapes*, 1:2, 77-83, doi: 10.1080/24749508.2017.1332847.

Gich, F.; Garcia-Gil, J.; Overmann, J. (2001). Previously unknown and phylogenetically diverse members of the green non-sulfur bacteria are indigenous to freshwater lakes. *Archives of microbiology*, 177, 1-10.

Giovannoni, S.J.; DeLong, E.F.; Olsen, G.J.; Pace, N.R. (1988). Phylogenetic group-specific oligodeoxynucleotide probes for identification of single microbial cells. *J. Bacteriol.*, 170(2), 720-726.

Godfrey, L.V.; Falkowski, P.G. (2009). The cycling and redox state of nitrogen in the Archaean ocean. *Nature Geoscience*, 2(10), 725-729, doi: 10.1038/ngeo633.

Golyshina, O.V.; Pipovarova, T.A.; Karavaiko, G.I.; Kondrat'eva, T.F.; Moore, E.R.B.; Abraham, W-R.; Lünsdorf, H.; Timmis, K.N.; Yakimov, M.M.; Golyshin, P.N. (2000). *Ferroplasma acidiphilum* gen. nov., sp. nov., an acidophilic, autotrophic, ferrous-iron-oxidizing, cell-wall-lacking, mesophilic member of the Ferroplasmaceae fam. nov., comprising a distinct lineage of the Archaea. *Int. Journal Syst. Evol. Biol.*, 50, 997-1006.

Gómez, F.; Aguilera, A.; Amils, R. (2007). Soluble ferric iron as an effective protective agent against UV radiation: implications for early life. *Icarus*, 191, 352-359, doi: 10.1016/j.icarus.2007.04.008.

González-Toril, E. (2002). Ecología molecular de la comunidad microbiana de un ambiente extremo: el río Tinto. (PhD Thesis). Universidad Autónoma de Madrid.

- González-Toril, E.; Llobet-Brossa, E.; Casamayor, E.O.; Amann, R.; Amils, R. (2003). Microbial ecology of an extreme acidic environment, the Tinto river. *Appl. Env. Microbiol.*, 69(8), 4853-4865.
- González-Toril, E.; Aguilera, A.; Souza-Egipsy, V.; López-Pamo, E.; Sánchez-España, J.; Amils, R. (2011). Geomicrobiology of La Zarza-Perrunal Acid mine effluent (Iberian Pyrite Belt, Spain). *Appl Environ Microbiol.*, 77(8), 2685-2694.
- Gorbushina, A.A.; Boettcher, M.; Brumsack, H-J.; Krumbein, W.E.; Vendrell-Saz, M. (2001). Biogenic forsterite and opal as a product of biodeterioration and lichen stromatolite formation in the table mountain systems (Tepuis) of Venezuela. *Geomicrobiol. J.*, 18, 117-132.
- Gorbushina, A.A.; Broughton, W.J. (2009). Microbiology of the atmosphere-rock interface: how biological interactions and physical stresses modulate a sophisticated microbial ecosystem. *Annu. Rev. Microbiol.*, 63, 431-450.
- Gtari, M.; Ghodhbane-Gtari, M.; Nouioui, I.; Beauchemin, N.; Tisa, L.S. (2012). Phylogenetic perspectives of nitrogen-fixing Actinobacteria. *Arch. Microbiol.*, 194, 3-11, doi: 10.1007/s00203-011-0733-6.
- Guindon, S.; Gascuel, O. (2003). PhyML: A simple, fast and accurate algorithm to estimate large phylogenies by Maximum Likelihood. *Syst. Biology*, 52(5), 696-704.
- Guo, W.; Zhang, H.; Zhou, W.; Wang, Y.; Zhou, H.; Chen, X. (2016). Sulfur metabolism pathways in *Sulfobacillus acidophilus* TPY, a Gram-Positive moderate thermoacidophile from a hydrothermal vent. *Front. Microbiol.*, 7, 1861, doi: 10.3389/fmicb.2016.01861.
- Hall, T.A. (1999). Bioedit: a user-friendly biological sequence alignment editor and analysis program for Windows 95/98/NT. *Nucleic Acids Symposium*, 41, 95-98.
- Hammer, Ø.; Harpen, D.A.T.; Ryan, P.D. (2001). PAST: Paleontological statistics software package for education and data analysis. *Palaeontologia Electronica*, 4(1), 9.
- Hem, J.D.; Lind, C.J. (1983). Nonequilibrium models for predicting forms of precipitated manganese oxides. *Geochimica et Cosmochimica Acta*, 47, 2037-2046.
- Hill, T.C.J.; Walsh, K.A.; Harris, J.A.; Moffett, B.F. (2003). Using ecological diversity measures with bacterial communities. *FEMS Microbiol. Ecol.*, 43(1), 1-11, doi: 10.1111/j.1574-6941.2003.tb01040.x.
- Houlton, B.Z.; Morford, S.L.; Dahlgren, R.A. (2018). Convergent evidence for widespread rock nitrogen sources in Earth's surface environment. *Science*, 360, 58-62.

- Huelsenbeck, J.P.; Ronquist, F. (2001). Mr.Bayes: Bayesian inference of phylogenetic trees. *Bioinformatics*, 17(8), 754-755, doi: 10.1093/bioinformatics/17.8.754.
- Hug, L.A.; Baker, B.J.; Anantharaman, K.; Brown, C.T.; Probst, A.J.; Castelle, C.J.; Butterfield, C.N.; Hermsdorf, A.W.; Amano, Y.; Ise, K.; Suzuki, Y.; Dudek, N.; Relman, D.A.; Finstad, K.M.; Admunson, R.; Thomas, B.R.; Banfield, J.F. (2016). A new view of the tree of life. *Nature Microbiol.*, 1, 16048, doi: 10.1038/NMICROBIOL.2016.48.
- Humboldt, A. (1852) *Personal narrative of travels to the equinoctial regions of America during the years 1799-1804*. Henry Bohn, London, England.
- Hungate, B.; Danin, A.; Pellerin, N.B.; Stemmler, J.; Jkellander, P.; Adams, J.B.; Staley, J.T. (1987). Characterization of manganese oxidizing (MnII \rightarrow MnIV) bacteria from Negev Desert rock varnish: implications in desert varnish formation. *Can. J. Microbiol.*, 33, 939-943.
- Iwai, S.; Weinmaier, T.; Schmidt, B.L.; Albertson, D.G.; Poloso, N.J.; Dabbagh, K.; DeSantis, T.Z. (2016). Piphillin: improved prediction of metagenomic content by direct inference from humans microbiomes. *PLOS*, 11(11), e0166104, doi: 10.1371/journal.pone.01661004.
- Jiang, B.; Parshina, S.N.; Doesburg, W.C.J.; Lomans, B.P. (2005). Methanomethylovorans thermophila sp. nov., a thermophilic, methylotrophic methanogen from an anaerobic reactor fed with methanol. *Int. Journal Syst. Evol. Biol.*, 55, 2465-2460, doi: 10.1099/ijls.0.63818-0.
- Justice, N.B.; Norman, A.; Brown, C.T.; Singh, A.; Thomas, B.C.; Banfield, J. (2014). Comparison of environmental and isolate *Sulfobacillus* genomes reveals diverse carbon, sulfur, nitrogen, and hydrogen metabolisms. *BMC Genomics*. 15(1): 1107, doi: 10.1186/1471-2164-15-1107.
- Kabir, M.; Sudhamsu, J.; Crane, B.R.; Yeh, S-R.; Rosseau, D.L. (2012). Substrate-Ligand interactions in *Geobacillus Stearothermophilus* Nitric oxide synthase. *Biochemistry*, 47(47), 12389-12397, doi: 10.1021/bi801491e.
- Kaya, A.; Mariotti, M.; Gladyshev, V.N. (2017). Cytochrome c peroxidase facilitates the beneficial use of H₂O₂ in prokaryotes. *PNAS*, 114(33), 8678-8680, doi: 10.1073/pnas.1710943114.
- Khademian, M.; Imlay, J.A. (2017). *Escherichia coli* cytochrome c peroxidase is a respiratory oxidase that enables the use of hydrogen peroxide as and terminal electron acceptor. *PNAS*, 114:E6922–E6931.
- Kielak, A.M.; Barreto, C.C.; Kowalchuk, G.A.; Van Veen, J.A.; Kuramae, E.E. (2016). The ecology of Acidobacteria: moving beyond genes and genomes. *Front. Microbiol.*, 7, 744, doi: 10.3389/fmicb.2016.00744
- Kim, E-J.; Oh, E-K.; Lee, J.K. (2014). Peroxidase and photoprotective activities of magnesium Protoporphyrin XI. *J. Microbiol. Biotechnol.*, 24(1), 36-43, doi: 10.4014/jmb.1311.11088.

- Koschinsky, A.; Hein, J.R. (2017). Marine ferromanganese encrustations: archives of changing oceans. *Elements*, 13, 177-182.
- Krinsley, D.H.; Dorn, R.I.; DiGregorio, B.E.; Langworthy, K.A.; Ditto, J. (2012). Rock varnish in New York: an accelerated snapshot of accretionary processes. *Geomorphology* 138, 339-351. doi: 10.1016/j.geomorph.2011.09.022.
- Kubota, K. (2013). CARD-FISH for environmental microorganisms: technical advancement and future applications. *Microbes Environ.*, 28(1), 3-12. doi: 10.1264/jsme2.ME12107.
- Kuhlman, K. R.; Allenbach, L. B.; Ball, C. L.; Fusco, W. G.; La Duc, M. T.; Kuhlman, G. M.; Anderson, R. C.; Stuecker, T.; Erickson, I.K.; Benardini, J.; Crawford, R. L. (2005). Enumeration, isolation, and characterization of ultraviolet (UV-C) resistant bacteria from rock varnish in the Whipple Mountains, California. *Icarus*, 174, 585-595.
- Kuhlman, K. R.; Fusco, W. G.; La Duc, M. T.; Allenbach, L. B.; Ball, C. L.; Kuhlman, G. M.; Anderson, R. C.; Erickson, I. K.; Stuecker, T.; Benardini, J.; Strap, J. L.; Crawford, R. L. (2006). Diversity of microorganisms within rock varnish in the Whipple Mountains, California. *Appl. Env. Microbiol.*, 72(2), 1708-1715.
- Kulhman, K.R.; Venkat, P.; La Duc, M.T.; Kulhman,, G.M.; McKay, C.P. (2008). Evidence of a microbial community associated with rock varnish at Yungay, Atacama desert, Chile. *J. Geol. Research*, 113 (G04022), 1-14, doi:10.1029/2007JG000677.
- Lane, D.J. (1991). 16S/23S rRNA sequencing. In: *Nucleic acid techniques in bacterial systematics*. Stackebrandt, E.; Goodfellow, M. (Eds.), John Wiley and Sons, New York, NY, pp. 115-175.
- Lang-Yona, N.; Maier, S.; Macholdt, D.S.; Müller-Germann, I.; Yordanova, P.; Rodriguez-Cabalero, E.; Jochum, K.P.; Al-Amri, A.; Andreae, M.O.; Fröhlich-Nowoisky, J.; Weber, B. (2018). *Env. Microbiol. Reports*, 10(3), 264-271, doi: 10.1111/1758-2229.12634.
- Lanza, N.L.; Fischer W.W.; Wiens, R.C.; Grotzinger J.; Ollila, A.M.; Cousin, A.; Anderson, R.B.; Clark, B.C.; Gellert, R.; Mangold, N.; Maurice, S.; Le Mouélic, S.; Nachon, M.; Schmidt, M.; Berger, J.; Clegg, S.M.; Forni, O.; Hardgrove, C.; Melikechi, N.; Newsom, H.E.; Sautter, V. (2014). High manganese concentrations in rocks at Gale Crater, Mars. *Geophys. Res. Lett.*, 41:5755–5763.
- Leblanc, M., Morales, J., Borrego, J., and Elbaz-Poulichet, F. (2000). 4500-year-old mining pollution in southwestern Spain: long-term implications for modern mining pollution. *Economic Geology*, 95, 655-662.
- Leon-Zayas, R.; Peoples, L.; Biddle, J.; Podell, S.; Novotny, M.; Cameron, J.; Lasken, R.S.; Bartlet, D.H. (2017). The metabolic potential of the single cell genomes obtained from the Challenger Deep, Mariana Trench within the

candidate superphylum Parcubacteria (OD1). *Environ. Microbiol.*, 19(7), 2769-2784, doi: 10.1111/1462-2920.13789.

Lewin, G.R.; Carlos, C.; Chevrette, M.C.; Horn, H.A.; McDonald, B.R.; Stankey, R.J.; Fox, B.G.; Currie, C.R. (2016). Evolution and ecology of Actinobacteria and their bioenergy applications. *Annual Rev. Microbiol.*, 70, 235-254, doi: 10.1146/annurev-micro-102215-095748.

Liu, T. (2003). Blind testing of rock varnish microstratigraphy as a chronometric indicator: results on late Quaternary lava flows in the Mojave Desert, California. *Geomorphology*, 53, 209-234.

Li Yang, G.; Hou, S.G.; Baoge, R.L.; Li, Z.G.; Xu, H.; Liu, Y.P.; Du, W.T.; Liu, Y.Q. (2016). Differences in bacterial diversity and communities between glacial snow and glacial soil on the Chongce Ice Cap, west Kunlun mountains. *Nature Science Reports*, 6:36548, doi: 10.1038/srp36548.

Lovley, D. R.; Holmes, D. E.; Nevin, K. P. (2004). Dissimilatory Fe (III) and Mn (IV) reduction. *Advances in microbial physiology*, 49, 219-286.

Lozano, R.P.; Rossi, C. (2012). Exceptional preservation of Mn-oxidizing microbes in cave stromatolites (El Soplao, Spain). *Sedimentary Geology*, 255-256, 42-55.

Lucas, A. (1905). *The blackened rocks of the Nile cataracts and of the Egyptian deserts*, Cairo: National Printing Department.

Macholdt, D. S.; Jochum, K. P.; Pöhlker, C.; Stoll, B.; Weis, U.; Weber, B.; Müller, M.; Kappl, M.; Buhre, S.; Kilcoyne, A. (2015). Microanalytical methods for in-situ high resolution analysis of rock varnish at the micrometer to nanometer scale. *Chem. Geology*, 411, 57-68.

Macholdt, D. S.; Jochum, K. P.; Pöhlker, C.; Arangio, A.; Förster, J. -D.; Stoll, B.; Weis, U.; Weber, B.; Müller, M.; Kappl, M.; Shiraiwa, M.; Kilcoyne, A.; Weigand, M.; Scholz, D.; Haug, G.H.; Al-Amri, A.; Andreae, M.O. (2017) Characterization and differentiation of rock varnish types from different environments by microanalytical techniques. *Chem. Geology*, 459, 91-118.

Malherbe, C.; Hutchinson, I.B.; Ingley, R.; Boom, A.; Carr, A.S.; Edwards, H.; Vertruyen, B.; Gilbert, B.; Eppe, G. (2017). On the habitability of desert varnish: a combined study by micro-Raman spectroscopy, X-ray diffraction and methylated pyrolysis-gas chromatography-mass spectrometry. *Astrobiology*, 17, 11, doi: 10.1089/ast.2016.1512.

Malotki, E; Wallace, H.D. (2011). Columbian Mammoth petroglyphs from the San Juan river near Bluff, Utah, United States. *Rock Art Research*, 28(2), 143-152.

Mancinelli, R.L.; Bishop, J.L.; De, S. (2002). Magnetite in desert varnish and applications to rock varnish on Mars. *Lunar and Planetary Science*, 33, 1046.

- Manz, W.; Amann, R.; Ludwig, W.; Wagner, M.; Schleifer, K.-H. (1992). Phylogenetic oligodeoxynucleotide probes for the major subclasses of Proteobacteria: problems and solutions. *Systematic and applied microbiology*, 15, 593-600.
- Marnocha, C.L.; Dixon, J.C. (2013). Bacterial communities in Fe/Mn films, sulphate crusts, and aluminium glazes from Swedish Lapland: implications for astrobiology on Mars. *International Journal Astrobiology*, 12(4), 345-356, doi: 10.1017/S1473550413000232.
- Marnocha, C.L.; Dixon, J.C. (2014). Endolithic bacterial communities in rock coatings from Kärkevagge, Swedish Lapland. *FEMS Microbiol. Ecol.*, 90, 533-542. doi: 10.1111/1574-6941.12415.
- McKeown, D.A.; Post, J.E. (2001). Characterization of manganese oxides mineralogy in rock varnish and dendrites using X-ray absorption spectroscopy. *American mineralogist*, 86, 701-713.
- Meier, H.; Amann, R.; Ludwig, W.; Schleifer, K.H. (1999). Specific oligonucleotide probes for in situ detection of a major group of gram-positive bacteria with low DNA G+C content. *Systematic and Applied Microbiology*, 22, 186-196.
- Meisinger, D.B.; Zimmermann, J.; Ludwig, W.; Schleifer, K.H.; Wanner, G.; Schmid, M.; Bennet, P.C.; Engel, A.S.; Lee, N.M. (2007) In situ detection of novel Acidobacteria in microbial mats from a chemolithoautotrophically based cave ecosystem (Lower Kane Cave, WY, USA). *Environmental microbiology*, 9, 1523-1534.
- Mishra, S.; Imlay, J.A. (2013). An anaerobic bacterium, *Bacteroides thetaiotaomicron*, uses a consortium of enzymes to scavenge hydrogen peroxide. *Molecular Microbiology*, 90(6), 1356-1371, doi: 10.1111/mmi.12438.
- Moissl-Eichinger, C. (2011). Archaea in artificial environments: their presence in global spacecraft clean rooms and impact on planetary protection. *ISME Journal*, 5, 209-219, doi: 10.1038/ismej.2010.124.
- Mora, M.; Perras, A.; Alekhova, T.A.; Wink, L.; Krause, R.; Aleksandrova, A.; Novozhilova, T.; Moissl-Eichinger, C. (2016). Resilient microorganisms in dust samples of the International Space Station. Survival of the adaptation specialist. *Microbiome*, 4, 65. doi: 10.1186/s40168-016-0217-7.
- Navarro-González, R.; McKay, C.P.; Mvondo, D.N. (2001). A possible nitrogen crisis for Archaeal life due to reduced nitrogen fixation by lightning. *Nature*, 412, 61-64.
- Nawrocki, E.P.; Kolbe, D.L.; Eddy, S.R. (2009). Infernal 1.0: inference of RNA alignments. *Bioinformatics*, 15, 25 (10), 1335-7, doi: 10.1093/bioinformatics/btp157.

- Nealson, K.H.; Myers, C.R.; Wimpee, B.B. (1991). Isolation and characterization of manganese-reducing bacteria and estimates of microbial Mn (IV)-reducing potential in the Black Sea. *Deep-Sea Research*, 38(2), 907-920.
- Neef, A. (1997). Anwendung der in situ-Einzelzell-Identifizierung von Bakterien zur Populations analyse in komplexen mikrobiellen Biozönosen. Munich, Germany. Technical University Munich.
- Nijjer, S.; Thonstad, J.; Haarberg, G. M. (2000). Oxidation of manganese (II) and reduction of manganese dioxide in sulphuric acid. *Electrochimica Acta*, 46, 395-399.
- Northup, D. E.; Burns, S.M.; Yu, L.E.; Spilde, M.N.; Schelbe, R.T.; Dano, K.E.; Crossey, L.J.; Connolly, C.A.; Boston, P.J.; Natvig, D.O.; Dahm, C.N. (2003). Diverse microbial communities inhabiting ferromanganese deposits in Lechugilla and Spider caves. *Environm. Microbiol.*, 5(11), 1071-1086. doi: 10.1046/j.1462-2920.2003.00500.x.
- Northup, D. E.; Snider, J. R.; Splide, M. N.; Porter, M. L.; van de Kamp, J. L.; Boston, P. J.; Nyberg, A. M.; Bargar, J. R. (2010). Diversity of rock varnish bacterial communities from Black Canyon, New Mexico. *J. Geol. Research*, 115 (G02007), 1-19, doi: 10.1029/2009JG001107.
- Nübel, U.; Garcia-Pichel, F.; Muyzer, G. (1997). PCR Primers to amplify 16S rRNA genes from Cyanobacteria. *App. Environ. Microbiol.*, 63(8), 3327-3332.
- Oksanen, J.; Blanchet, F.G.; Friendly, M.; Kindt, R.; Legendre, P.; McGlin, D.; Minchin, P.; O'Hara, R.B.; Simpson, G.; Solymos, P. and others (2017). vegan: community ecology package. R package version 2.4-3.
- Omar, K.A. (2014). Catalytic decomposition of hydrogen peroxide on manganese dioxide nanoparticles at different pH values. *IMPACT: IJRET*, 2(5), 241-248.
- Overmann, J.; van Gernerden, H. (2000). Microbial interactions involving sulfur bacteria: implications for the ecology and evolution of bacterial communities. *FEMS Microbiol Ecol.*, 24(5), 591-599, doi: 10.1111/j.1574-6976.2000.tb00560.x.
- Palmer, F.E.; Staley, J.T.; Murray, R.G.E; Counsell, T.; Adams, J.B. (1986). Identification of manganese-oxidizing bacteria from desert varnish. *Geomicrobiology Journal*, 4(4), 343, 360, doi: 10.1080/01490458609385943.
- Parada, A.E.; Needham, D.M.; Fuhrman, J.A. (2016). Every base matters: assessing small subunit rRNA primers for marine microbiomes with mock communities, time series and global field samples. *Environ. Microbiol.*, 18(5), 1403-1414. doi: 10.1111/1462-2920.13023.
- Parks, D.H.; Chuvochina, M.; Waite, D.W.; Rinke, C.; Skarszewski, A.; Chaumeil, P.A.; Hugenholtz, P. (2018). A standardized bacterial taxonomy based on genome phylogeny substantially revises the tree of life. *Nature Biotech.*, 36, 996-1004, doi: 10.1038/nbt.4229.

- Peccia, J.; Marchand, E.A.; Silverstein, J.; Hernandez, M. (2000). Development and application of small-subunit rRNA probes for assessment of selected *Thiobacillus* species and members of the genus *Acidiphilium*. *Applied and environmental microbiology*, 66, 3065-3072.
- Perry, R.S.; Engel, M. H.; Botta, O.; Staley, J. T. (2003). Amino acid analyses of Desert varnish from the Sonoran and Mojave deserts. *Geomicrobiol. Journal*, 20, 427-438.
- Perry, R.S.; Kolb, V. (2004). Biological and organic constituents of desert varnish: review and new hypothesis. *Proceedings of SPIE*. doi: 10.1117/12.509695.
- Petzsch, P.; Poehlein, A.; Johnson, D.B.; Daniel, R.; Schölmann, M.; Mühling, M. (2015). Genome sequence of the acidophilic Sulfate-Reducing *Peptococcaceae* strain CEB3. *Genome Announc.*, 3(4), e00886-15, doi: 10.1128/genomeA.00886-15.
- Pierson B.K.; Castenholz, R.W. (1974) A phototrophic gliding filamentous bacterium of hot springs, *Chloroflexus aurantiacus*, gen. and sp. nov. *Arch. Microbiol.*, 100, 5–24.
- Posth, N. R.; Konhauser, K.O.; Kappler, A. (2013). Microbial processes in banded iron formation deposition. *Sedimentology*, 60, 1733-1754, doi: 10.1111/sed.12051.
- Puente-Sánchez, F., Sánchez-Román, M., Amils, R., and Parro, V. (2014) *Tessaracoccus lapidicaptus* sp. nov., an actinobacterium isolated from the deep subsurface of the Iberian pyrite belt. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, 64, 3546-3552.
- Puente-Sánchez, F. (2016) Microbial ecology of the Iberian Pyrite Belt deep subsurface. (PhD Tesis), Universidad Autónoma de Madrid.
- Puente-Sánchez, F., Arce-Rodríguez, A.; Oggerin, M.; García-Villadangos, M.; Mmoreno-Paz, M.; Blanco, Y.; Rrodríguez, N.; Bird, L.; Lincon, S.A.; Tornos, F.; Prieto-Ballesteros, O.; Freeman, K.H.; Pieper, D.H.; Timmis, K.N.; Amils, R.; Parro, V. (2018). Viable Cyanobacteria in the deep continental subsurface. *PNAS*, 115(42), 10702-10707.
- Quast, C.; Pruesse E.; Yilmaz P.; Gerken J.; Schweer T.; Yarza P.; Peplies J.; Glöckner, F.O. (2013). The SILVA ribosomal RNA gene database project: improved data processing and web-based tools. *Nucl. Acids Res.*, 41(D1), D590-D596.
- R Core Team (2014). R: An language and environment for statistical computing. R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria. URL: <http://www.R-project.org/>.
- Raven, J.A.; Allen, J.F. (2003). Genomics and chloroplast evolution: what did cyanobacteria do for plants? *Genome Biology*, 4(3), 209, PMID: 12620099.

- Raymond, R.; Guthrie, G.; Bish, D.; Reneau, S.; Chipera, S. (1993). Biomineralization of manganese in rock varnish. *Catena Supp.*, 21, 321.
- Ren, G.; Yan, Y.; Nie, Y.; Lu, A.; Wu, X.; Li, Y.; Wang, C.; Ding, H. (2019). Natural extracellular electron transfer between semiconducting minerals and electroactive bacterial communities occurred on the Rock Varnish. *Frontiers in Microbiology*, 10, 293, doi: 10.3389/fmicb.2019.00293.
- Révész, K.; Qi, H.; Coplen, T. B. (2012). Determination of the d15N and d13C of total nitrogen and carbon in solids. RSIL lab code 1832. (Révész, K.; Coplen T.B. Eds.). Stable isotope-ratio methods, in *Methods of the Reston Stable Isotope Laboratory* (Reston: U.S. Geological Survey).
- Roller, C.; Wagner, M.; Amann, R.; Ludwig, W.; Schleifer, K.H. (1994). In situ probing of Gram-positive bacteria with high DNA G+C content using 23S rRNA-targeted oligonucleotides. *Microbiology*, 140, 2849-2858.
- Rudnick, R.L.; Fountain, D.M. (1995). Nature and composition of the continental crust: a lower crustal perspective. *Reviews of Geophysics*, 33(3), 267-309.
- Rudnick, R.L.; Gao, S. (2003). Composition of the continental crust. *Treatise of Geochemistry*, 3, 1-64. doi: 10.1016/B0-08-043751-6/03016-4.
- Ruepp, A.; Graml W.; Santos-Martinez M.L.; Koretke K.K.; Volker C.; Mewes H.W.; Frishman D.; Stocker S.; Lupas A.N.; Baumeister W. (2000). The genome sequence of the thermoacidophilic scavenger *Thermoplasma acidophilum*. *Nature*, 407(6803), 508-513.
- Ruijter, J.M.; Ramakers, C.; Hoogars, W.M.; Karlen, Y.; van der Hoff, M.J.; Moorman, A.F. (2009). Amplification efficiency: linking baseline and bias in the analysis of quantitative PCR data. *Nucleic Acids Res.*, 37(6), e45, doi:10.1093/nar/gkp045.
- Sakurai, K.; Yoshikawa, H. (2012). Isolation and identification of bacteria able to form biofilms from deep subsurface environments. *Journal of Nuclear Science Technology*, 49(3), 287-292.
- Salter, S.J.; Cox, M.J.; Turek, E.M.; Calus, S.T.; Cookson, W.O.; Moffart, M.F.; Turner, P.; Parkhill, J.; Loman, N.J.; Walker, A.W. (2014). Reagent and laboratory contamination can critically impact sequence-based microbiome analyses. *BMC Biology*, 12, 87.
- Samarkin, V.A.; Madigan, T.M.; Bowles, M.W.; Casciotti, K.L.; Priscu, J.L.; McKay, C.P.; Joye, S.B. (2010). Abiotic nitrous oxide emission from the hypersaline Don Juan Pond in Antarctica. *Nature Geoscience*, 3, 341-344.
- San Martin-Uriz, P.; Gómez, M.; Arcas, A.; Bargiela, R. (2011). Draft genome sequence of the electricigen *Acidiphilium* sp. strain PM (DSM 24941). *Journal of Bacteriology*, 193(19), 5585-5586, doi: 10.1128/JB.05386-11.

- Sánchez-Andrea, I.; Rodríguez, N.; Amils, R.; Sanz, J.L. (2011). Microbial diversity in anaerobic sediments at Río Tinto, a naturally acidic environment with a high heavy metal content. *Appl. Env. Microbiol.*, 77, 6085-6093.
- Sánchez-Andrea, I.; Knittel, K.; Amann, R.; Amils, R.; Sanz, J.L. (2012). Quantification of Tinto river sediment microbial communities: importance of sulphate-reducing bacteria and their role in attenuating acid mine drainage. *Appl. Env. Microbiol.*, 78(13), 4638-4645.
- Sánchez-García, L.; Fernández-Martínez, M.A.; García-Villadangos, M.; Blanco, Y.; Cady, S.L.; Hinman, N.; Bowden, M.E.; Pointing, S.B.; Lee, K.C.; Warren-Rhodes, K.; Lacap-Bugler, D.; Cabrol, N.A.; Parro, V.; Carrizo, D. (2019). Microbial biomarker transition in high-altitude Sinter Mounds from El Tatio (Chile) through different stages of hydrothermal activity. *Front. Microbiol.*, 9, 3350, doi: 10.3389/fmicb.2018.03350.
- Sánchez-Román, M.; Fernández-Remolar, D.; Amils, R.; Sánchez-Navas, A.; Schmid, T.; San Martín-Uriz, P.; Rodríguez, N.; McKenzie, J.; Vasconcelos, C. (2014). Microbial mediated formation of Fe-carbonate minerals under extreme acidic conditions. *Nature Scientific Reports*, 4, 4767, doi: 10.1038/srep04767.
- Santofimia, E.; González-Toril, E.; López-Pamo, E.; Gomariz, M.; Amils, R.; Aguilera, A. (2013). Microbial diversity and its relationship to physicochemical characteristics of the water in two extreme acidic pit lakes from the Iberian Pyrite Belt (SW Spain). *PLOS*, 8(6), e66746.
- Sanz, J.L.; Rodríguez, N.; Díaz, E.E.; Amils, R. (2011). Methanogenesis in the sediments of Río Tinto, an extreme acidic river. *Env. Microbiol.*, 13, 2336-2341.
- Sathiyarayanan, G.; Fillipidou, S.; Junier, T.; Rufatt, J.M.; Jeanneret, N.; Wunderlin, T.; Sieber, N.; Dorador, C.; Junier, P. (2016). Manganese-II oxidation and Copper-II resistance in endospore forming Firmicutes isolated from uncontaminated environmental sites. *AIMS Environmental Sciences*, 3(2), 220-228, doi: 10.3934/environsci.2016.2.220.
- Schelble, R.T.; McDonald, G.D.; Hall, J.A.; Nealson, K.H. (2005). Community structure comparison using FAME analysis of desert varnish and soil, Mojave desert, California. *Geomicrobiology Journal*, 22, 353-360, doi: 10.1080/01490450500248754.
- Schindler, M.; Dorn, R.I. (2017). Coatings on rocks and minerals: the interface between the lithosphere and biosphere, hydrosphere and atmosphere. *Elements*, 13, 155-158.
- Schmid, G.; Zeitvogel, F.; Hao, L.; Ingino, P.; Floetenmeyer, M.; Stierhof, Y.D.; Schroeppel, B.; Burkhardt, C.J.; Kappler, A.; Obst, M. (2014). 3-D analysis of bacterial cell-(iron) mineral aggregates formed during Fe (II) oxidation by the nitrate-reducing *Acidovorax* sp. strain BoFeN1 using complementary microscopy tomography approaches. *Geobiology*, 12, 340-361.

- Schmidt, H.H.; Eickhorst, T.T.; Tippkötter, R.R. (2012). Evaluation of tyramide solutions for an improved detection and enumeration of single microbial cells in soil by CARD-FISH. *J. Microbiol. Methods*, 91(3), 399-405.
- Schneider, C.A.; Rasband, W.S.; Eliceiri, K.W. (2012). NIH Image to ImageJ: 25 years of image analysis. *Nature Methods*, 9(7), 671-675.
- Schönhuber, W.; Zarda, B.; Eix, S.; Rippka, R.; Herdman, M.; Ludwig, W.; Amann, R. (1999). In situ identification of cyanobacteria with horseradish peroxidase-labeled, rRNA-targeted oligonucleotide probes. *Applied and environmental microbiology*, 65, 1259-1267.
- Schulze, R.; Spring, S.; Amann, R.; Huber, I.; Ludwig, W.; Schleifer, K.H.; Kämpfer, P. (1999). Genotypic diversity of Acidovorax strains isolated from activated sludge and description of Acidovorax defluvii sp. nov. *Systematic and applied microbiology*, 22, 205-214.
- Shihua, T.; Racz, G.J.; Boon Goh, T. (1994). Transformations of synthetic birnessite as affected by pH and manganese concentration. *Clays and Clay Minerals*, 42(3), 321-330.
- Silhavy, T.J.; Kahne, D.; Walker, S. (2010). The bacterial cell envelope. *Cold Spring Harb. Perspect. Biol.*, 2, a00414, doi: 10.1101/cshperspect.a000414.
- Spearman, C. (1904). The proof and measurement of association between two things. *American Journal Psychology*, 15(1), 72-101.
- Stackebrandt, E.; Rainey, F.; Ward—Rainey, N. (1997). Proposal of a new Hierarchic classification system Actinobacteria classis nov. *Int. Journal Sys. Bacteriol.*, 47(2), 479-491.
- Staden, R. (1996). The Staden Sequence Analysis Package. *Molecular Biotechnology*, 5, 233-241.
- Stahl, D.A.; Amann, R. (1991). *Development and application of nucleic acid probes*. New York: John Wiley & Sons Inc.
- Stanton, C.L.; Reinhard, C.T.; Kasting, J.F.; Ostrom, N.E.; Haslun, J.A.; Lyons, T.M.; Glass, J.B. (2018). Nitrous oxide from chemodenitrification: a possible missing link in the Proterozoic greenhouse and the evolution of aerobic respiration. *Geobiology*, 16(6), 597-609.
- Stulnig, T.M.; Amberger, A. (1994). Exposing contaminating phenol in nucleic acid preparations. *BioTechniques*, 16, 402-404.
- Suhadolnik, M.L.S; Salgado, A.P.C.; Scholte, L.L.S; Bleicher, L.; Costa, P.C.; Reis, M.P.; Dias, M.F.; Ávila, M.P.; Barbosa, F.A.R.; Chartone-Souza, E.; Nascimento, A. (2017). Novel arsenic-transforming bacteria and the diversity of their arsenic-related genes and enzymes arising from arsenic-polluted freshwater sediment. *Nature Scientific reports*, 7, 12321, doi: 10.1038/s41598-017-11548-8.

- Svir, I.; Oleinick, A.; Yunus, K.; Fisher, A.C.; Wadhawan, J.D.; Davies, T.J.; Compton, R.G. (2005). Theoretical and experimental study of the ECE mechanism at microring electrodes. *Journal of Electroanalytical Chemistry*, 578, 289–299.
- Tanabe, Y.; Okazaki, Y.; Yoshida, M.; Matsuura, H.; Kai, A.; Shiratori, T.; Ishida, K.-I.; Nakano, S.-I.; Watanabe, M.M. (2015). A novel alphaproteobacterial ectosymbiont promotes the growth of the hydrocarbon-rich green alga *Botryococcus braunii*. *Nature*, 5, 10467, doi: 10.1038/srep10467.
- Tao, Z.; Miao, L.; Jian, S.; Yingwu, S.; Jun, Y.; Kai, L. (2012). Bacterial diversity in rock varnish of extreme arid region of Turpan Basin. *Acta Ecologica Sinica*, 32, 265-270, doi: 10.1016/j.chnaes.2012.07.006.
- Tebo, B.M.; Bargar, J.R.; Clement, B.G.; Dick, G.J.; Murray, K.J.; Parker, D.; Verity, R.; Webb, S.M. (2004). Biogenic manganese oxides: Properties and mechanisms of formation. *Annual Review Earth and Planetary Science*, 32, 287-328.
- Tebo, B.M.; Johnson, H.A.; McCarthy, J.K.; Templeton, A.S. (2005). Geomicrobiology of manganese (II) oxidation. *Trends in Microbiology*, 13(9), 421-428.
- Teira, E.; Reinthaler, T.; Pernthaler, A.; Pernthaler, J.; Herndl, G.J. (2004). Combining catalyzed reporter deposition-fluorescence in situ hybridization and microautoradiography to detect substrate utilization by bacteria and archaea in the deep ocean. *Applied and Environmental Microbiology*, 70, 4411-4414.
- Thiagarajan, N.; Lee, C.A. (2004). Trace-element evidence for the origin of desert varnish by direct aqueous atmospheric deposition. *Earth and Planetary Science Letters*, 224, 131-141.
- Toren, A.; Navon-Venezia, S.; Ron, E.Z.; Rosenberg, E. (2001). Emulsifying activities of purified alasin proteins from *Acinetobacter radioresistens* KA53. *Appl. Envir. Microbiol.*, 67, 1102-1106.
- Tornos, F. (2006). Environment of formation and styles of volcanogenic massive sulphides: the Iberian Pyrite Belt. *Ore Geology Reviews*, 28, 259-307.
- Valdés, J.; Pedroso, I.; Quatrini, R.; Dodson, R.J.; Tettelin, H.; Blake, R.; Eisen, J.A.; Holmes, D.S. (2008). *Acidithiobacillus ferrooxidans* metabolism: from genome sequence to industrial applications. *BMC Genomics*, 9, 597, doi: 10.1186/1471-2164-9-597.
- Van de Peer, Y.; Chapelle, S.; De Wachter, R. (1996). A quantitative map of nucleotide substitution rates in bacterial rRNA. *Nucleic Acids Res*, 24, 3381-3391.
- Vezzi, A.; Campanaro, S.; D'Angelo, M.; Simonato, F.; Vitulo, N.; Lauro, F.M.; Cestaro, A.; Malacrida, G.; Simionati, B.; Cannata, N.; Romualdi, C.; Bartlett, D.H.; Valle, G. (2005). Life at depth: *Photobacterium profundum* genome sequence and expression analysis. *Science*, 307 (5714), 1459-1461.

- Vicenzi, E.P.; Grissom, C.A.; Livingston, R.A.; Weldon-Yochim, Z. (2016). Rock varnish on architectural stone: microscopy and analysis of nanoscale manganese oxide deposits on the Smithsonian Castle, Washington, DC. *Heritage Science*, 4(26), doi: 10.1186/s.40494-016-0093-2.
- Villesen, P. (2007). FaBox: an online toolbox for FASTA sequences. *Molecular Ecology Notes*, 7, 965-968, doi: 10.1111/j.1471-8286.2007.01821.x.
- Vitoria, L.; Otero, N.; Soler, A.; Canals, A. (2004). Fertilizer characterization: isotopic data (N, S, O, C and Sr), *Environ. Sci. Technol.*, 38, 3254-3262.
- Vitousek, P.M.; Cassman, K.; Cleveland, C.; Crews, T.; Field, T.; Grimm, N.B.; Howarth, W.; Marino, R.; Martinelli, L.; Rastteter, E.B.; Sprent, J.I. (2002). *Biogeochemistry*, 57/58, 1-45, doi: 10.1023/A:1015798428743.
- Walker, J.J.; Pace, N.R. (2007). Phylogenetic composition of rocky mountain endolithic microbial ecosystems. *Appl. Microbiol. Environ.*, 73(11), 3497-3504, doi: 10.1128/AEM.02656-06.
- Wallner, G.; Amann, R.; Beisker, W. (1993). Optimizing fluorescent in situ hybridization with rRNA-targeted oligonucleotide probes for flow cytometric identification of microorganisms. *Cytometry*, 14, 136-143.
- Ward, L.M.; Hemp, J.; Patrick, M.S.; Shawn E.M.; Woodward W.F. (2018). Evolution of phototrophy in the Chloroflexi phylum driven by horizontal gene transfer. *Frontiers in Microbiology*, 9, 260, doi: 10.3389/fmicb.2018.00260.
- Watanabe, Y.; Martini, J.E.; Ohmoto, H. (2000). Geochemical evidence for terrestrial ecosystems 2.6 billion years ago. *Nature*, 408, 574-578.
- Watling, H.; Perrot, F.; Shiers, D. (2008). Comparison of selected characteristics of *Sulfobacillus* species and review of their occurrence in acidic and bioleaching environments. *Hydrometallurgy*, 93, 57-65.
- Wayne, D. M.; Diaz, T. A.; Fairhurst, R.; Orndorff, R. L.; Pete, D. V. (2006). Direct major- and minor-element analysis of rock varnish by high resolution laser ablation inductively coupled plasma mass spectrometry (LA-ICPMA). *Appl. Geochem.*, 21, 1410-1431, doi:10.1016/j.apgeochem.2006.04.005.
- Weber, K. A.; Achenbach, L.A.; Coates, J.D. (2006). Microorganisms pumping iron: anaerobic microbial iron oxidation and reduction. *Nature Rev. Microbiol.*, 4(10), 752-764.
- Yokota, A. (2012). Cultivation of uncultured Bacteria of the class Ktedonobacteria in the phylum Chloroflexi. *Makara Journal Science*, 16(1), 1-8.
- Zhang, X.; Liu, X.; Liang, Y.; Guo, X.; Xiao, Y.; Ma, L.; Miao, B.; Liu, H.; Peng, D.; Huang, W.; Zhang, Y.; Yin, H. (2017). Adaptive evolution of extreme acidophile *Sulfobacillus thermosulfidooxidans* potentially driven by horizontal gene transfer and gene loss. *Appl Environ Microbiol.*, 83: e03098-16, doi: 10.1128/ AEM.03098-16.

Zakrzewski, M.; Proietti, C.; Ellis, J.J.; Hasan, S.; Brion, M-J.; Berger, B.; Krause, L. (2017). Calypso: a user-friendly web-server for mining and visualizing microbiome–environment interactions. *Bioinformatics*, 33(5), 782-783.

Zehn, J.P.; Jenkins, B.D.; Short, S.M.; Steward, G.F. (2003). Nitrogenase gene diversity and microbial community structure: a cross-system comparison. *Environ. Microbiol.*, 5(7), 539-554.

Zeinert, R.; Martinez, E.; Schmitz, J.; Senn, K.; Usman, B.; Anantharaman, V.; Aravind, L.; Waters, L.S. (2018). Structure–function analysis of manganese exporter proteins across bacteria. *J. Biol. Chem.*, 293(15), 5715-5730.

Ziegler, S.; Waidner, B.; Itoh, T.; Schumann, P.; Spring, S.; Gescher, J. (2013). *Metallibacterium scheffleri* gen. nov., sp. nov., an alkalinizing gammaproteobacterium isolated from an acidic biofilm. *Int. J. Syst. Evol. Microbiol.*, 63, 1499-1504, doi: 10.1099/ijs.0.042986-0.

APÉNDICE

A) Ubicación de las principales referencias bibliográficas de estudios microbianos en revestimiento de roca ricos en hierro

LUGAR		REFERENCIA	
	Xinjiang, Gobi (China)		Ren et al., 2019
	Mojave (USA)		Lang-Yona et al., 2018
	Al-Jafer basin (Jordania)		Alnaimat et al., 2017
	Matsch valley (Tirolo, Italia)		Esposito et al., 2015
	Kärkevagge (Suecia)		Marmocha and Nixon, 2014
	Turpan basin (China)		Marmocha and Nixon, 2013
	Black Canyon (N. Méx., USA)		Tao et al., 2012
	Yungay, Atacama (Chile)		Northup et al., 2010
	Colorado y Wyoming (USA)		Kuhlman et al., 2008
	Whipple Mountains (USA)		Walker and Pace, 2007
			Kuhlman et al., 2006
			Kuhlman et al., 2005
	Lechugilla (N. Méx., USA)		Northup et al., 2003
	Vancouver (Canadá)		Eppard et al., 1996
	Negev (Israel)		Hungate et al., 1987
	Sonora y Mojave (USA)		Palmer et al., 1986
[1]			
[2]			
Dominio, Phylum	Clase, Orden	[3]	
Archaea			
Crenarchaeota			
Euryarchaeota			
Bacteria			
Acidobacteria			
Actinobacteria			
Bacteroidetes			
Chlorobium			
Chloroflexi			
Cyanobacteria			
Deinococcus-Thermus			
Firmicutes	Clostridiales		
	Bacilliales		
Gemmatimonadetes			
Nitrospira			
Planctomyces			
Proteobacteria	α-Proteobacteria		
	β-Proteobacteria		
	γ-Proteobacteria		
	δ-Proteobacteria		
Verrucomicrobia			
Tipo de ambiente [1]	Tipo de estudio [2]	Abundancia [3]	Taxón microbiano = Si
Árido-Semiárido	D Diversidad	Alta (>5)	
Glaciar	A Aislamiento	Media (3-5)	
Otros	DA Diversidad y aislamiento	Baja (<3)	

Figura 65: Referencias bibliográficas de revestimientos ricos en Fe con su año y ubicación geográfica. [1] Indica el tipo de ambiente en el que se encuentra el barniz; [2] Indica el tipo de estudio microbiano de secuenciación de ADN realizado. [3] La abundancia de cada taxón teniendo en cuenta todos los trabajos analizados. En rojo se indica la presencia del taxón microbiano de las columnas de la izquierda. En blanco indica la no detección.

B) Protocolo de ligación y transformación de células químicamente competentes de *Escherichia coli* One Shot TOP10 de Invitrogen utilizado en el laboratorio

LIGACIÓN:

1. Añadir 4 ul de producto de PCR + 1 ul de solución salina + 1 ul del vector
2. Incubar al menos 30 min a 4°C (se puede dejar toda la noche)

TRANSFORMACIÓN:

1. 2 horas antes de empezar el proceso de transformación sacar las placas LB con ampicilina (añadida antes de fundirse el agar del LB a una concentración de 100 ug/ml) y añadir 32 ul de X-Gal, extendiéndose por la placa
2. 5 min antes de empezar, descongelar las células competentes dejándolas en hielo
3. Añadir a cada vial 2ul de la reacción de ligación
4. Incubar en hielo 30 min
5. Incubar 30 s a 42°C en baño y rápidamente pasarlo al hielo y dejarlo 2 min
6. Añadir a cada vial 250 ul de medio SOC (debe estar atemperado a 37°C)
7. Incubar 1h a 37°C a 200 rpm. Ir atemperando las placas a 37°C
8. Plaquear 30 ul del tubo a una placa y el resto centrifugar a máxima velocidad 2 min. Desechar 240 ul y resuspender el pellet en el volumen restante y sembrarlo todo en otra placa. Con esto conseguiremos maximizar el número de células en placa
9. Incubar toda la noche a 37°C las placas
10. Picar las colonias blancas y pasarlas a una placa multipocillo de 96 con 1,5 ml de TB + Ampicilina (a una concentración de 100 ug/ml). Colocar tapa de filtro para permitir la respiración de las células y obtener una biomasa adecuada
11. Incubar la placa multipocillo toda la noche a 37°C en agitación leve (200 rpm)
12. Centrifugar 10 min a 3000 rpm
13. Desechar el sobrenadante con cuidado de no llevarte el pellet y guardar a -20°C. Listo para extraer el ADN plasmídico de las células

C) Análisis geoquímicos Hem, Mag y P1

Tabla 22: Cocientes de elementos obtenidos para la clasificación de las muestras en base al trabajo desarrollado por Macholdt et al., 2017.

Muestra	Al / Ni	Mn / Ba	Mn / REY
P1 (P1Ext)	333,63	2,30	112,53
P1 (P1Int)	114,50	2,02	42,62
N-Berr	$1,67 \cdot 10^4$	$6,30 \cdot 10^{-3}$	0,61
Berr*	ND	0,40	67,66
Ror	ND	0,08	6,91
Hem	ND	0,31	35,69
Mag	ND	0,28	7,07

ND: No determinado (Valor del Ni = 0 en el análisis ICP-MS)

* Media realizada con los análisis ICP-MS **Berr1**, **Berr2** y **Berr3**

Tabla 23: Datos numéricos de los análisis geoquímicos realizados en las muestras Hem, Mag (Origen) y P1 (Berrocal).

	Hem	Mag	P1
$\delta^{15}\text{N} / \delta^{14}\text{N}$ (Medidas)	2,446; 2,192; 2,309; 2,550	2,401; 2,691; 2,603; 2,535	1,587; 1,704; 1,475; 1,500
Media (Desv. estándar)	2,37 (0,16)	2,56 (0,12)	1,57 (0,10)
$\delta^{13}\text{C} / \delta^{12}\text{C}$ (Medidas)	-24,472; -24,607; - 24,687; -24,569	-24,782; -24,779; - 24,687; -24,588	-25,802; -25,565; -25,481; -25,483
Media (Desv.)	-24,56 (0,06)	-24,71 (0,09)	-25,58 (0,15)
% TN	0,06	0,06	0,02
% TOC	0,34	0,12	0,05
C / N	5,5	2,1	2,4

D) PCR específica de Cyanobacteria

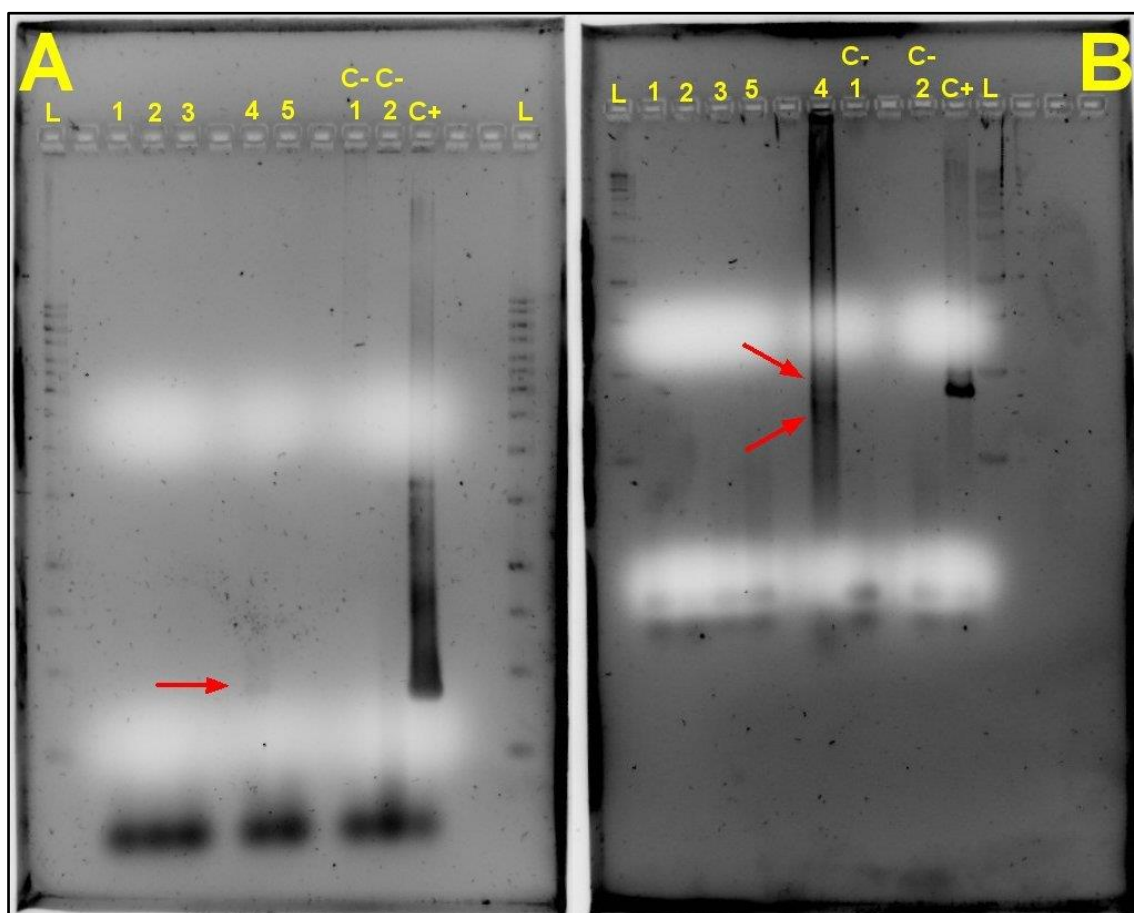


Figura 66: PCRs realizadas con cebadores específicos de Cyanobacteria. L: Ladder, 1: Muestra **Hem**, 2: Muestra **Mag**, 3: Muestra **P1**, 4: Muestra **Ror**, 5: Muestra **Berr** (**Berr1**), C-(1): Control negativo sin ADN (agua milliQ), C-(2): Control negativo con ADN de *Escherichia coli* (cepa Hfr), C+: Control positivo con ADN de *Microcystis aeruginosa* (cepa UAM-265). Se puede observar que en ambas PCRs se observa un producto de amplificación en el pocillo donde se cargó la PCR de la muestra **Ror** que coincide con el tamaño de banda esperado que amplifican los cebadores utilizados, y que se puede observar también en el control + de las PCRs.

E) Estándares utilizados para la qPCR

Tabla 24: Estándares usados en la qPCR.

Nombre	Dilución ADN utilizada	Número de copias de 16S ARNr / ul
STD-10	10^{-10}	$2,68 \cdot 10^1$
STD-9	10^{-9}	$2,68 \cdot 10^2$
STD-8	10^{-8}	$2,68 \cdot 10^3$
STD-7	10^{-7}	$2,68 \cdot 10^4$
STD-6	10^{-6}	$2,68 \cdot 10^5$
STD-5	10^{-5}	$2,68 \cdot 10^6$
STD-4	10^{-4}	$2,68 \cdot 10^7$

Concentración de ADN inicial de *Escherichia coli* (cepa K12): 46 ng/ul. Éste fue diluido tal y como se indica en la tabla para obtener las diluciones correspondientes.

F) Curvas de rarefacción

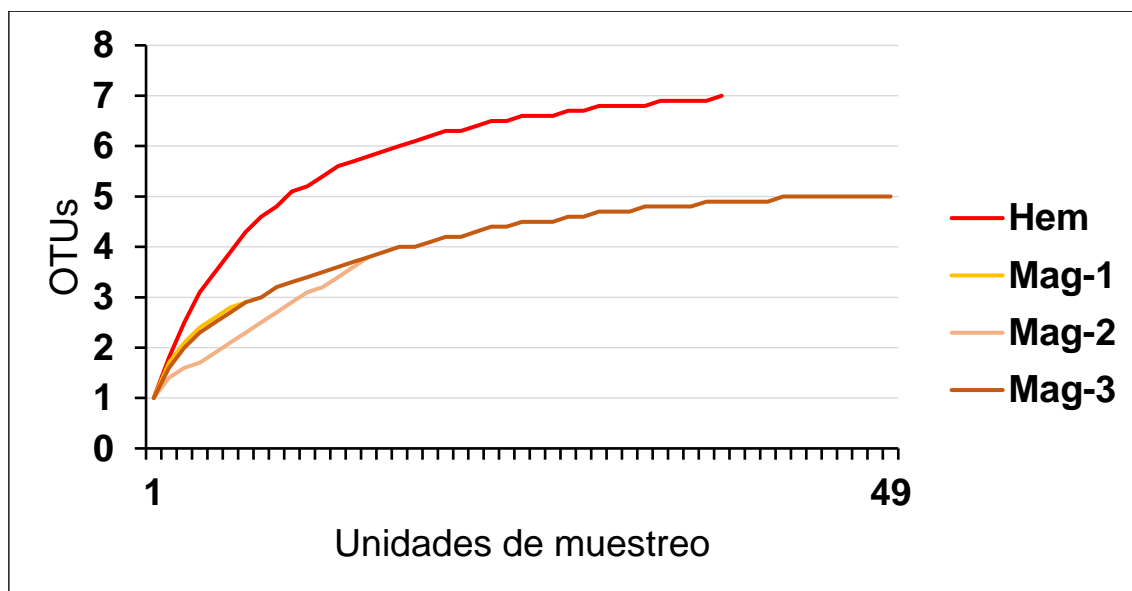


Figura 67: Curva de rarefacción de la secuenciación Sanger de las muestras Hem y Mag (de las tres extracciones realizadas). El ajuste de Clench para **Hem** es 0,998 y para **Mag-1**, **Mag-2** y **Mag-3** son 0,978, 0,995 y 0,991 respectivamente. Las extracciones **Mag-1** y **Mag-2** se ajustaron mejor a un ajuste logarítmico ($R^2=0,999$) y a un ajuste con tendencia lineal ($R^2=0,996$) así que los datos obtenidos de estas extracciones no fueron confiables para determinar una riqueza de especies razonable.

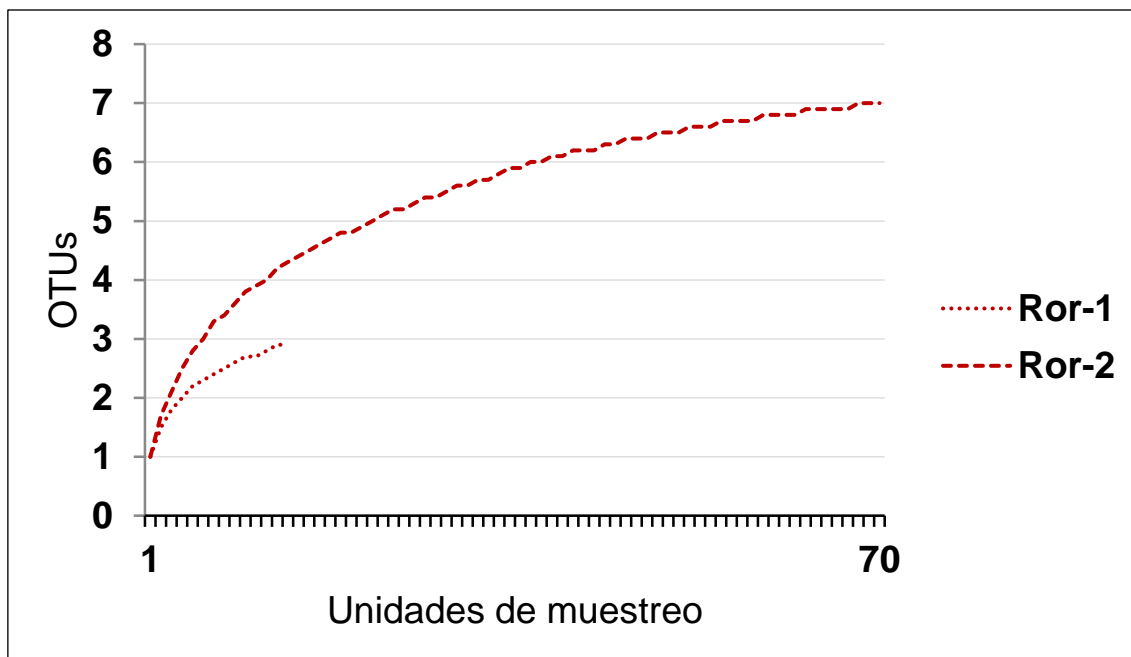


Figura 68: Curva de rarefacción de las secuenciaciones Sanger en la muestra Ror. El ajuste de Clench para **Ror-1** es 0,994 y para **Ror-2** 0,995.

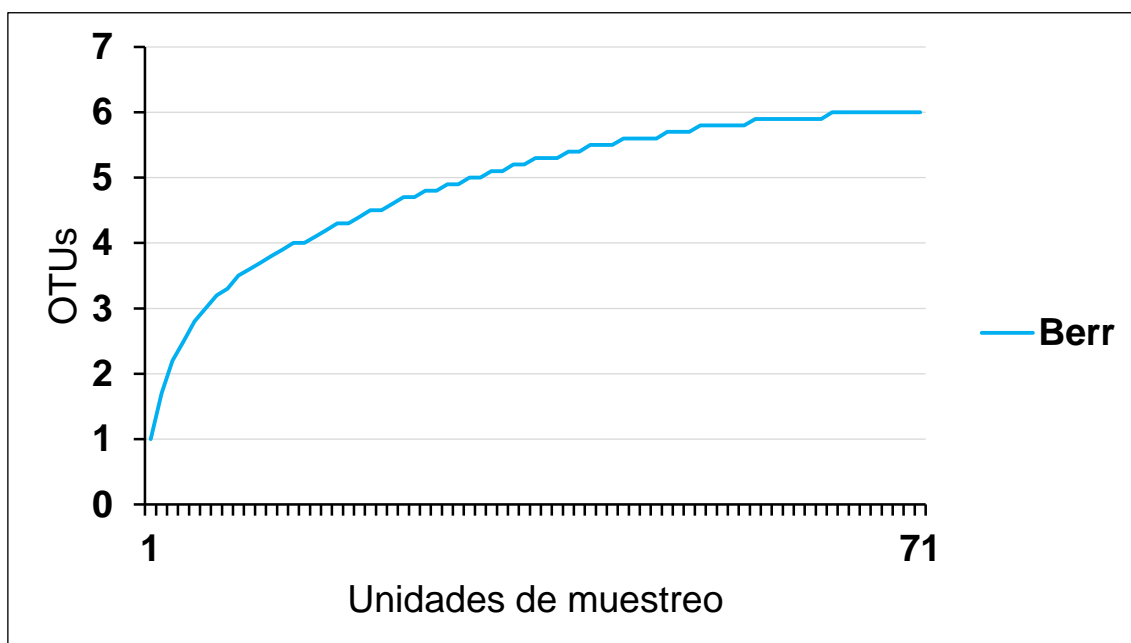


Figura 69: Curva de rarefacción de la secuenciación Sanger de la muestra Berr. El ajuste de Clench fue 0,98.

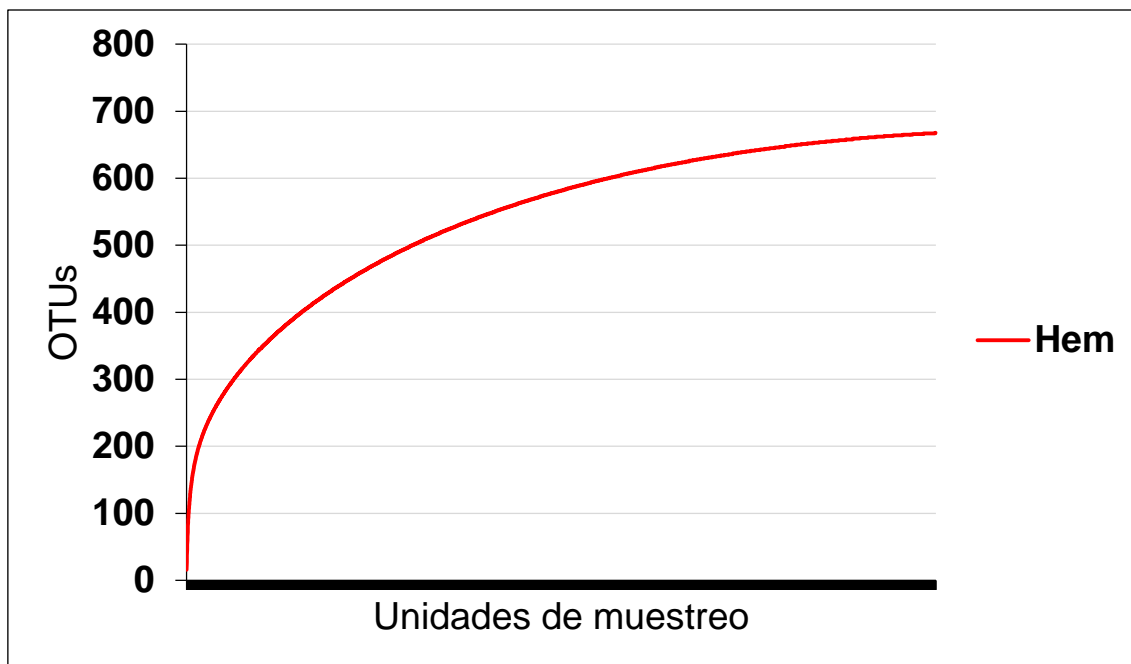


Figura 70: Curva de rarefacción de la secuenciación por Illumina Mi-Seq de la muestra Hem. El ajuste de Clench fue 0,967.

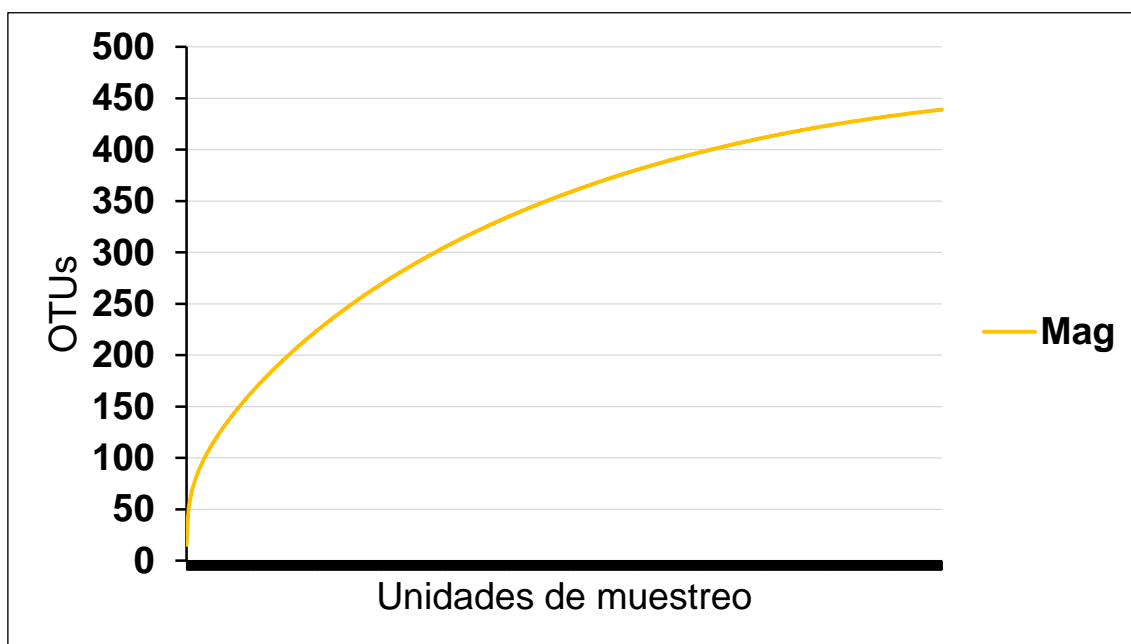


Figura 71: Curva de rarefacción de la secuenciación por Illumina Mi-Seq de la muestra Mag. El ajuste de Clench fue 0,996

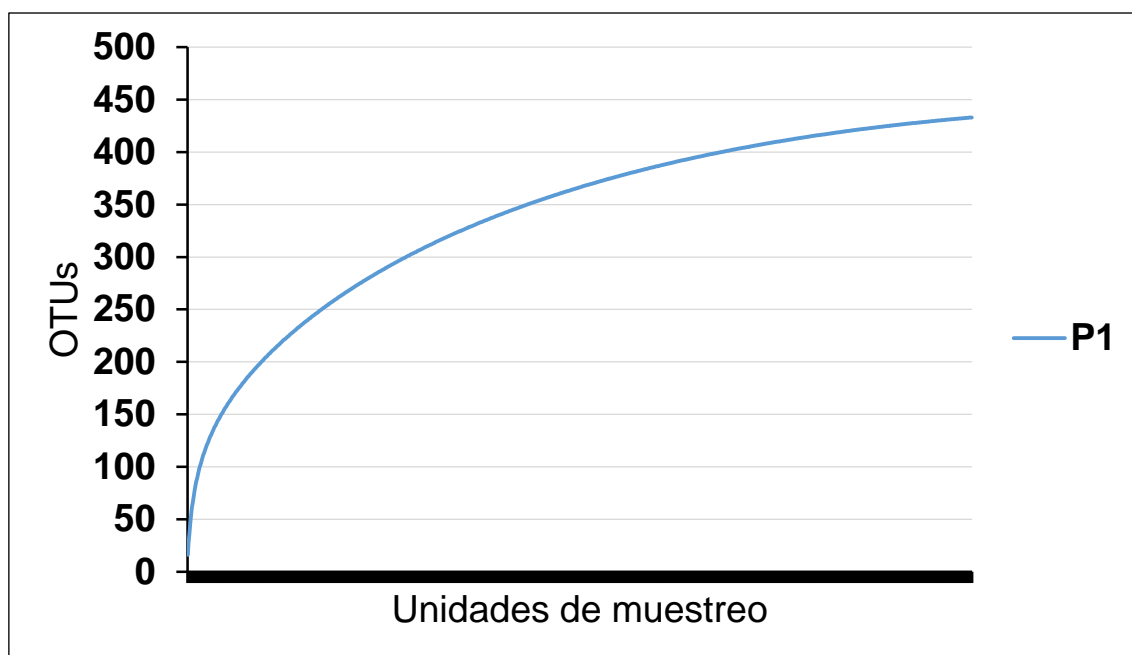


Figura 72: Curva de rarefacción de la secuenciación por Illumina Mi-Seq de la muestra P1. El ajuste de Clench fue 0,981.

G) Secuenciación Illumina

Tabla 25: Información relativa a la secuenciación Illumina realizada de las muestras ambientales y cultivos.

Muestras	Suma de lecturas Illumina	Media GC en % (Foward / Reverse)	% de lecturas que pasaron los controles bioinformáticos	Índice de Shannon / Índice de Pielou (H' / J')	% OTUs del control – detectado
Control negativo-1	312028	55 / 56	-	2,69 / 0,38	-
P1	298105	55 / 56	7,5	4,20 / 0,71	41,47
Hem	305420	53 / 54	32,7	4,31 / 0,67	42,61
Mag	333406	54 / 54	14,7	3,83 / 0,63	61,02
Control negativo-2	164743	54 / 55	-	3,49 / 0,50	-
Berr (Fe+NH ₄ NO ₃)	26621	54 / 54	4,1	2,24 / 0,68	81,57
Hem (DG +S)	11190	53 / 54	26,6	3,08 / 0,70	88,16
Mag (DG +S)	4834	45 / 45	39,6	3,20 / 0,74	60,38

Control negativo-1: Muestras ambientales; Control negativo-2: Cultivos

H) Árboles filogenéticos

A continuación en las páginas siguientes se muestran los diferentes árboles filogenéticos realizados con el objetivo de confirmar las afinidades taxonómicas de las secuencias obtenidas mediante el método de secuenciación de Sanger (consultar en la tabla del apartado J las secuencias de GenBank utilizadas para las inferencias filogenéticas realizadas)

El orden en el que aparecen los árboles de cada muestra corresponden a: **Hem**, **Mag** (primero el de los cebadores forward y después las secuencias obtenidas con los cebadores reverse), **Ror** y **Berr**. En todos los casos las filogenias aquí mostradas se realizaron por máxima verosimilitud.

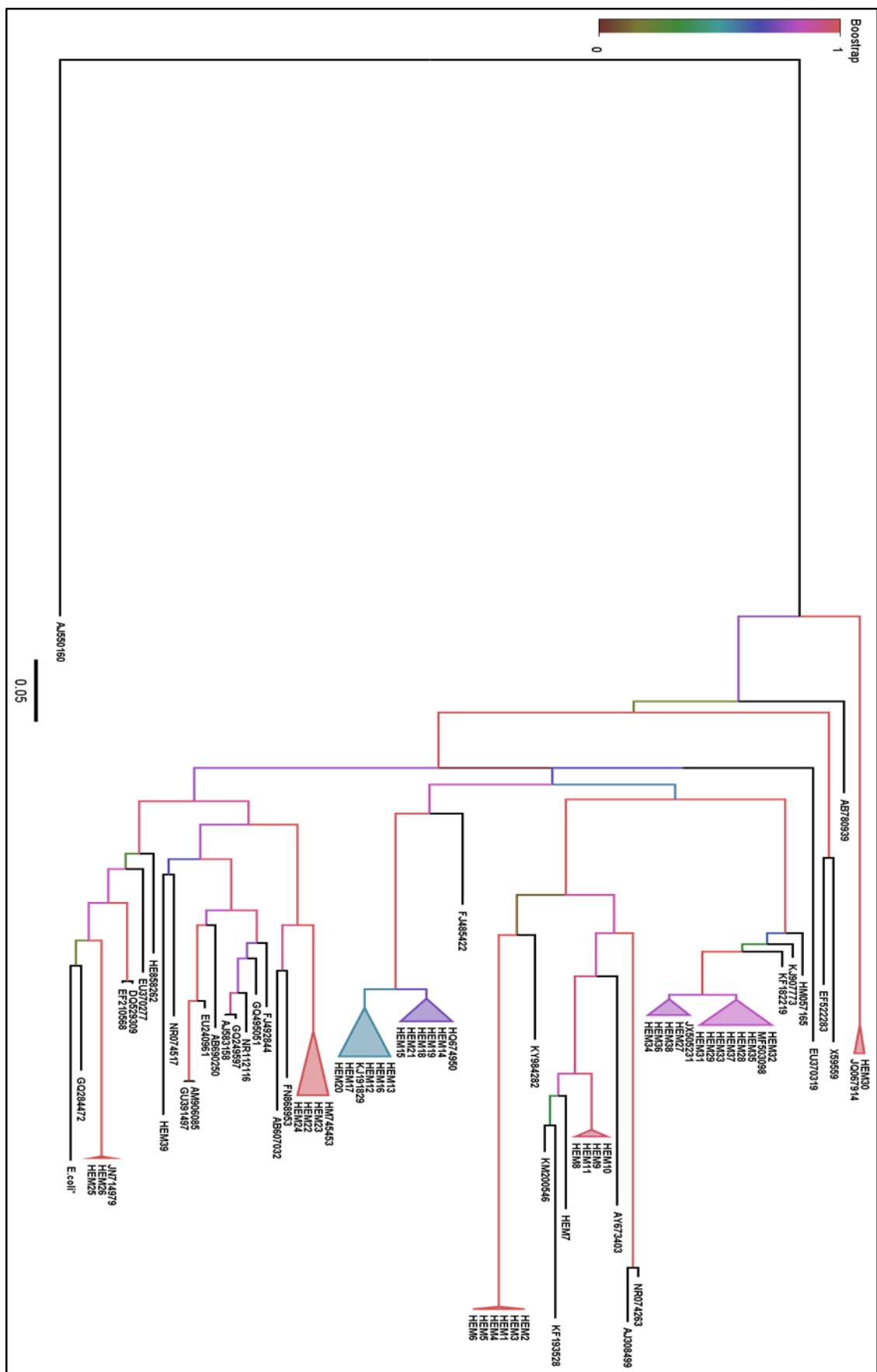


Figura 73: Árbol de máxima verosimilitud realizado con las secuencias Hem.
 Topología: SPR; árbol inicial: BioNJ; modelo de sustitución nucleotídica GTR+ λ +I (λ

=0,601; $I=0,292$); Log-likelihood= -10336,4 $f(A)= 0,24317$; $f(T)= 0,18832$; $f(C)=0,24133$; $f(G)= 0,32718$. El outgroup es una secuencia de Archaea (GenBank: AJ550160).

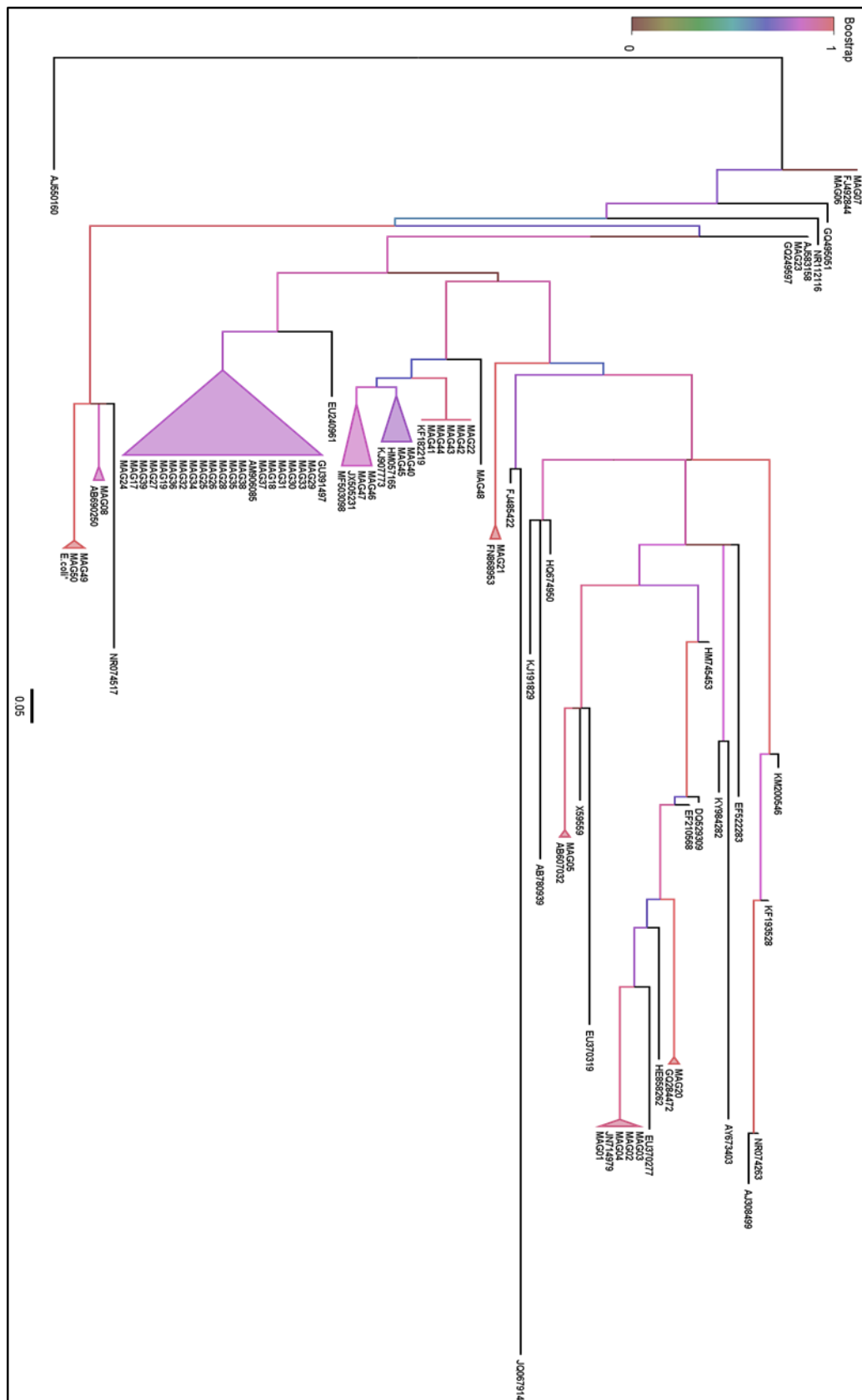


Figura 74: Árbol de máxima verosimilitud realizado con las secuencias foward de las diferentes extracciones realizadas de Mag. También se incluyen las secuencias

que pudieron ser correctamente ensambladas por los programas bioinformáticos. Topología: SPR; árbol inicial: BioNJ; modelo de sustitución nucleotídica GTR+ λ +I (λ =0,926; I=0,121); Log-likelihood= -2398,25299; f(A)= 0,25283; f(T)= 0,19097; f(C)=0,24063; f(G)= 0,31556. El outgroup es una secuencia de Archaea (GenBank: AJ550160).

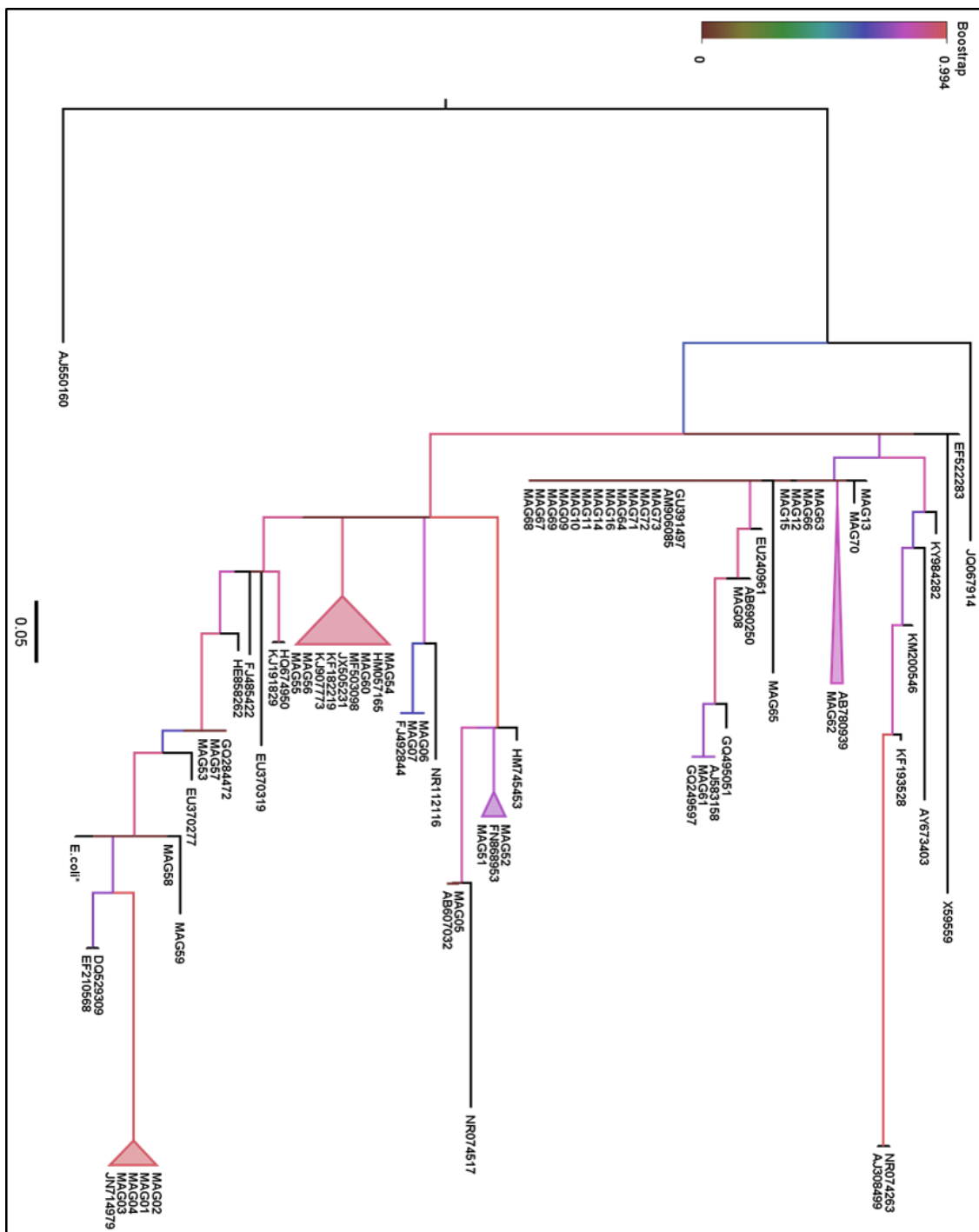


Figura 75: Árbol de máxima verosimilitud realizado con las secuencias reverse de las diferentes extracciones realizadas de Mag. También se incluyen las secuencias que pudieron ser correctamente ensambladas por los programas bioinformáticos. Topología: SPR; árbol inicial: BioNJ; modelo de sustitución nucleotídica GTR+ λ +I (λ =0,394; I=0,098); Log-likelihood= -748,16422; f(A)= 0,25412;

$f(A)= 0,24377$; $f(T)= 0,19253$; $f(C)=0,22458$; $f(G)= 0,33912$. El outgroup es una secuencia de Archaea (GenBank: AJ550160).

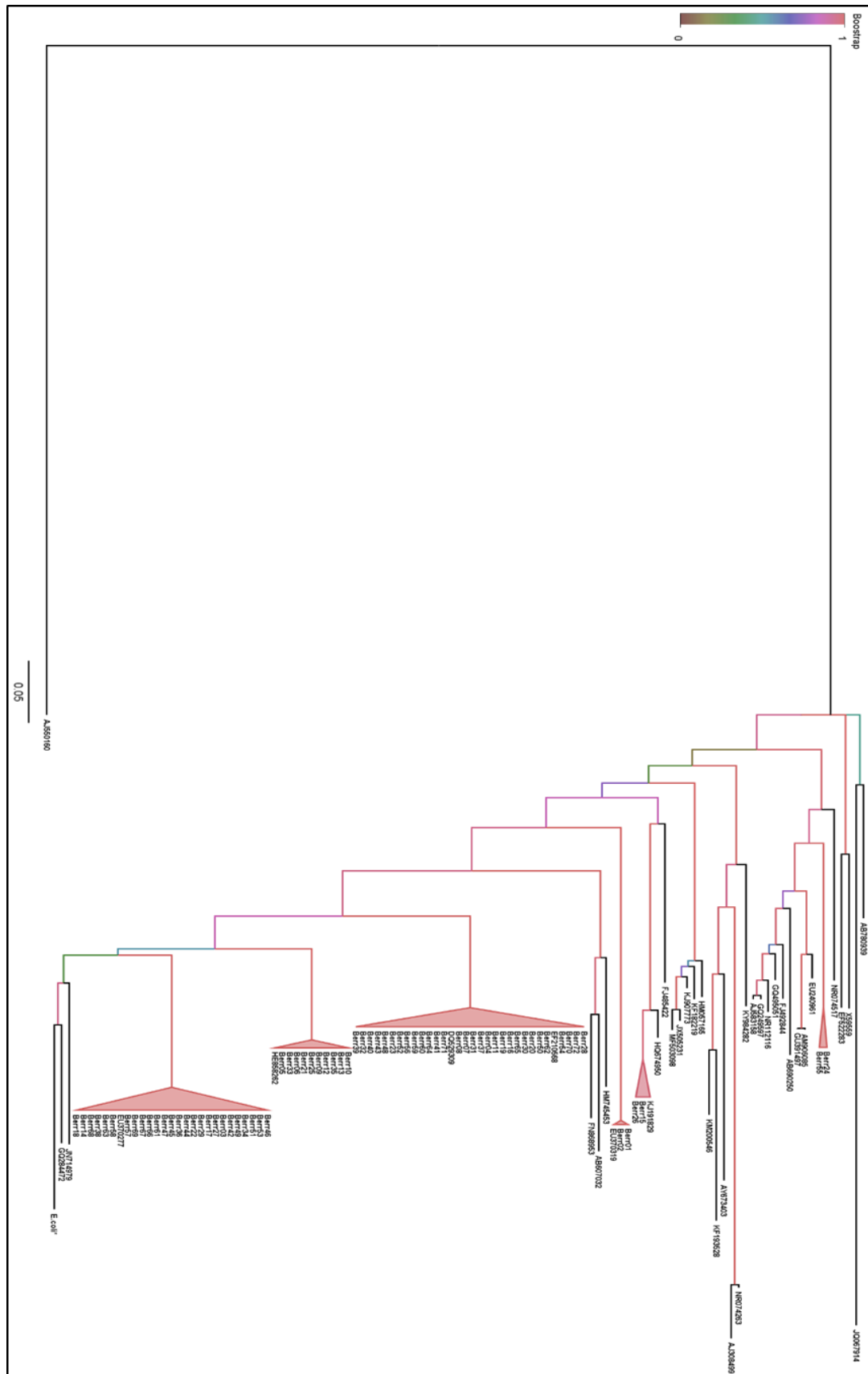


Figura 77: (página anterior) **Árbol de máxima verosimilitud realizado con las secuencias obtenidas de las diferentes extracciones realizadas en Berr.** Topología: SPR; árbol inicial: BioNJ; modelo de sustitución nucleotídica GTR+ λ +I (λ =0,394; I=0,098); Log-likelihood= -748,16422; f(A)= 0,25412; f(T)= 0,23744; f(C)=0,24549; f(G)= 0,26295. El outgroup es una secuencia de Archaea (GenBank: AJ550160).

I) Datos de los diferentes umbrales de identidad analizados para realizar la inferencia metagenómica

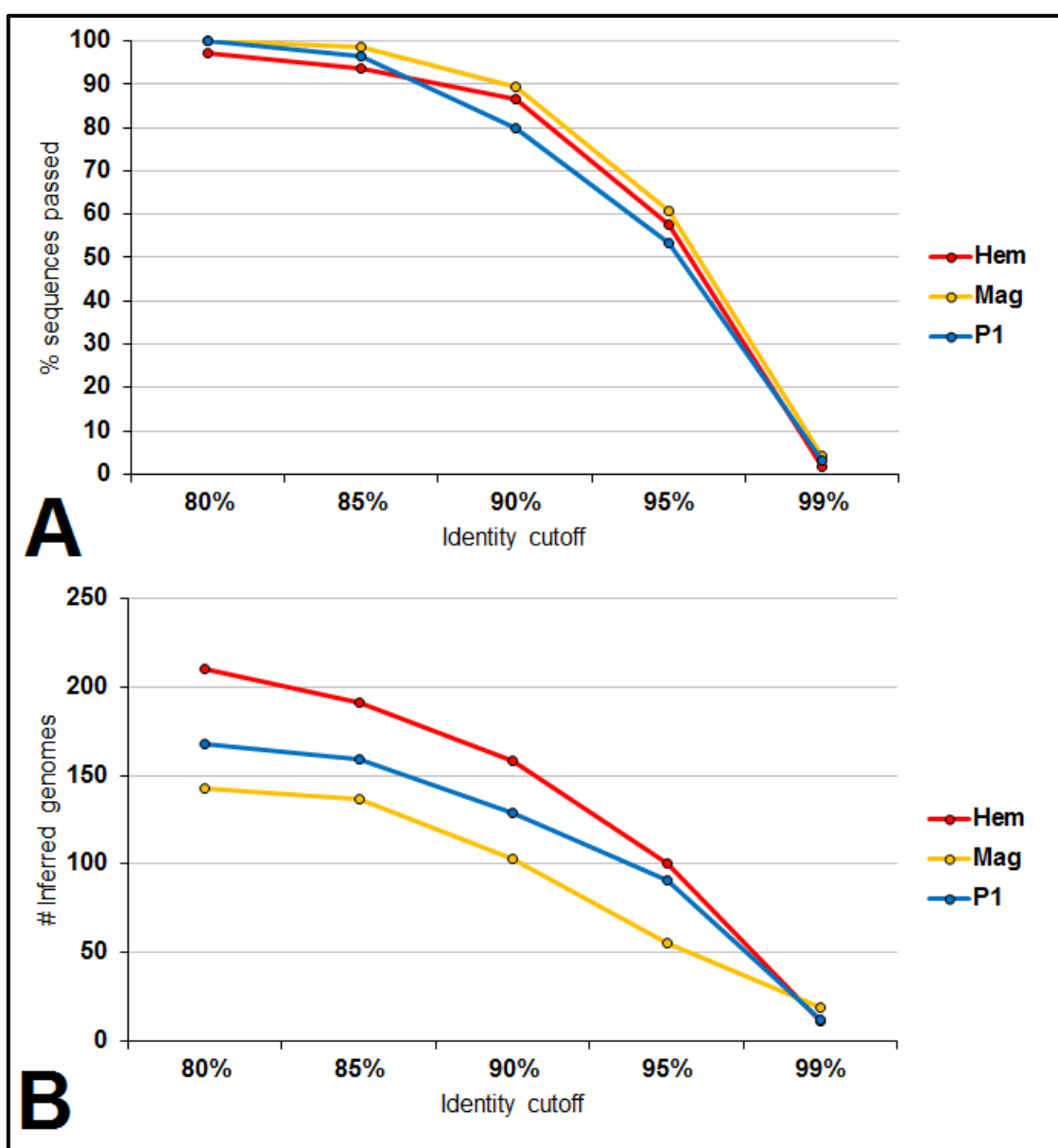


Figura 78: Representación gráfica del pre-análisis en Piphillin para la selección del mejor umbral de identidad. A: Umbral de identidad versus porcentaje total de secuencias que pasan el filtro del análisis. B: Umbral de identidad versus número de genomas inferidos para el análisis.

Tabla 26: Resultados numéricos obtenidos de la inferencia metagenómica con la herramienta bioinformática Piphillin utilizando diferentes umbrales de identidad

	80%		85%		90%		95%		99%	
	%	GI	%	GI	%	GI	%	GI	%	GI
Hem	97,1	210	93,6	191	86,5	158	57,7	100	1,67	11
Mag	100	143	98,6	137	89,3	103	60,7	55	4,03	19
P1	100	168	96,4	159	80,0	129	53,5	91	3,10	12

%: Cobertura respecto del total de OTUs de la muestra

GI: Genomas inferidos en el análisis

J) Información relativa a las inferencias filogenéticas realizadas

Tabla 27: Secuencias procedentes de las bases de datos utilizadas para agrupar las secuencias identificadas por secuenciación Sanger y realizar las inferencias filogenéticas de nuestras secuencias de interés.

Código GenBank	Clasificación taxonómica
JN714979	Betaproteobacteria; <i>Ralstonia insidiosa</i>
AB607032	Alfaproteobacteria; <i>Sphingomonas</i> sp.
FJ492844	Firmicutes; <i>Staphylococcus</i> sp.
AB690250	Firmicutes; <i>Streptococcus</i> sp.
AM906085	Firmicutes; <i>Paenibacillus</i> sp.
GQ284472	Gammaproteobacteria; <i>Moraxella</i>
FN868953	Alfaproteobacteria; <i>Methylobacterium</i> sp.
KJ907773	Actinobacteria; <i>Aciditerrimonas</i> sp.
GQ249597	Firmicutes; environmental samples
NR112116	Firmicutes; <i>Bacillus subtilis</i>
KF182219	Bacteria; environmental samples
HM057165	Actinobacteria; environmental samples
AJ583158	Firmicutes; <i>Bacillus indicus</i>
GU391497	Firmicutes; <i>Paenibacillus humicus</i>

NR074263	Chloroflexi; <i>Chloroflexus auranticus</i>
AJ308499	Chloroflexi; <i>Chloroflexus aggregans</i>
HM745453	Bacteria; environmental samples
GQ495051	Firmicutes; <i>Bacillus sp.</i>
EU240961	Firmicutes; <i>Paenibacillus sp.</i>
EU370277	Bacteria; environmental samples
EU370319	Bacteria; environmental samples
DQ529309	Cyanobacteria; <i>Anabaena sp.</i>
DQ529309	Proteobacteria; <i>Acidithiobacillus ferrooxidans</i>
AB780939	Thermodesulfobacteria; environmental samples
KF193528	Chloroflexi; Thermogemmatispora
KY984282	Chloroflexi; environmental samples
EF210568	Proteobacteria; <i>Acidithiobacillus ferrooxidans</i>
KM200546	Chloroflexi; Ktedonobacteria
HE858262	Gammaproteobacteria; <i>Metallibacterium sp.</i>
HQ674950	Acidobacteria; environmental samples
KJ191829	Acidobacteria; environmental samples
JQ067914	Planctomycetes; candidatus Nostocoida
JX505231	Actinobacteria; <i>Aciditerrimonas sp.</i>
FJ485422	Deltaproteobacteria; environmental samples
MF503098	Actinobacteria; strain USS-CCA1
AY673403	Bacteria; Chloroflexi
NR074517	Firmicutes; <i>Hellobacterium modesticaldum</i>
EF522283	Eukaryota; Chlorophyta
AJ550160	Archaea; Methanobacterium
E.coli*	Secuencia procedente de Van de Peer et al., 1996

Tabla 28: Identificación más probable por Blastn de secuencias no clasificadas por QIIME.

CAPA ROJA ORIGEN (Hem)			
Lecturas	Código Genbank	Distancia	Identificación más probable
UnkOTU1	AY193186, LC287971, DQ093901, KX133470	0,0751; 0,0844; 0,0933; 0,1202	OD1 (Parcubacteria)
UnkOTU2	GU245906, HM134896, MG803329	0,1336; 0,2199; 0,2699	Delta proteobacteria (similar a <i>Pelobacter</i>)
UnkOTU3	AF355035, KX710021, DQ906056	0,1002; 0,1168; 0,1988	Alfa proteobacteria (similar a <i>Azotobacter</i>)
UnkOTU4	AY193186	0,0900	OD1 (Parcubacteria)
UnkOTU5	GQ348762, KX123470, LN880482, KX123461	0,2402; 0,2502; 0,2588; 0,2764	OD1 (Parcubacteria)
UnkOTU6	KF414382, JQ700719, EU119136, HM798893	0,1329; 0,1369; 0,1371; 0,1405	Gamma Proteobacteria
UnkOTU7	AY222299, EU626142, AF355035, MG803329	0,1306; 0,2042; 0,2759; 0,3279	Unculture Cyanobacterium
UnkOTU8	MG803329, JN038644, AF355035, EU626142	0,1081; 0,1721; 0,2227; 0,3179	Delta Proteobacteria
UnkOTU9	AY555639, MF440008, KX123521, JQ886452	0,1172; 0,1356; 0,1921; 0,3333	Planctomycetes
UnkOTU10	FJ662339	0,1749	Actinobacteria, uncultured
UnkOTU11	KY611717, EU642006, FN434379	0,1460; 0,1464; 0,1469	Beta Proteobacteria (Burkholderiales)
UnkOTU12	GQ072663, EU642006	0,1998; 0,3358	Proteobacteria (clase desconocida)

UnkOTU13	GU245925, FJ774063, AY922093	0,1449; 0,1450; 0,1498	OD1 (Parcubacteria) / Uncult. Cyanobacteria
UnkOTU14	KX123470	0,0800	OD1 (Parcubacteria)
UnkOTU15	MH813396, EU626142, JQ401518, DQ448734	0,1302; 0,1302; 0,1583; 0,1600	Actinobacteria, uncultured
UnkOTU16	JQ724815	0,0600	Archaea (Uncultured Euryarchaeota)
UnkOTU17	LT858996	0,1000	OD1 (Parcubacteria)
<u>REVESTIMIENTO DE ROCA DE BERROCAL (P1)</u>			
Lecturas	Código Genbank	Distancia	Identificación más probable
UnkOTU18	MG856133	0,1731	Actinobacteria, uncultured
UnkOTU19	MG856133	0,1686	Actinobacteria, uncultured
UnkOTU20	MG856133	0,1269	Actinobacteria, uncultured
UnkOTU21	MG856133	0,1846	Actinobacteria, uncultured
UnkOTU22	MG856133	0,1693	Actinobacteria, uncultured
UnkOTU23	MG856133	0,1394	Actinobacteria, uncultured
UnkOTU24	MG856133	0,1555	Actinobacteria, uncultured
UnkOTU25	MG856133	0,1584	Actinobacteria, uncultured
UnkOTU26	MG856133	0,1645	Actinobacteria, uncultured
UnkOTU27	MG856133	0,1532	Actinobacteria, uncultured
UnkOTU28	MG856133	0,1395	Actinobacteria, uncultured
UnkOTU29	MG856133	0,1741	Actinobacteria, uncultured
UnkOTU30	MG856133	0,1443	Actinobacteria, uncultured
UnkOTU31	MG856133	0,1649	Actinobacteria, uncultured
UnkOTU32	MG856133	0,1406	Actinobacteria, uncultured
UnkOTU33	MG856133	0,1586	Actinobacteria, uncultured
UnkOTU34	MG856133	0,1437	Actinobacteria, uncultured
UnkOTU35	MG856133	0,1344	Actinobacteria, uncultured
UnkOTU36	MG856133	0,1044	Actinobacteria, uncultured

UnkOTU37	MG856133	0,1461	Actinobacteria, uncultured
UnkOTU38	MG856133	0,1413	Actinobacteria, uncultured
UnkOTU39	LT624765, LT625239, LT624360, JQ087100	0,0814; 0,1075; 0,1098; 0,1229	Firmicutes (similar a <i>Dethiosulfatibacter</i>)
UnkOTU40	MG856133	0,1300	Actinobacteria, uncultured
UnkOTU41	MG856133	0,1347	Actinobacteria, uncultured
UnkOTU42	MG856133	0,1003	Actinobacteria, uncultured
UnkOTU43	MG856133	0,1229	Actinobacteria, uncultured
UnkOTU44	MG856133, AJ003055	0,1154; 0,1154	Actinobacteria, uncultured
UnkOTU45	AB108481	0,1198	Actinobacteria, uncultured
UnkOTU46	FJ662339, EU626142	0,1180; 0,1492	Actinobacteria, uncultured
UnkOTU47	KY122000, DQ177491, EU642006	0,1178; 0,1265; 0,1300	Beta Proteobacteria (Burkholderiales)
UnkOTU48	FJ662339, EU626142, AJ003055	0,1011; 0,1294; 0,1998	Actinobacteria, uncultured
UnkOTU49	MG856133	0,1311	Actinobacteria, uncultured
UnkOTU50	MG856133	0,1369	Actinobacteria, uncultured
UnkOTU51	MG856133	0,1273	Actinobacteria, uncultured

Las lecturas no clasificadas por QIIME fueron analizadas individualmente lanzándolas al Blastn y al RDP sequence match y se sacaron algunas de las secuencias más similares de cada una de ellas para hacer una base de datos local utilizando Bioedit (Hall, 1999). Posteriormente las secuencias no clasificadas se alinearon mediante RDP Align con las secuencias de la base de datos local y se obtuvo la matriz de distancias mediante DNA Dist.3.5 (disponible en Bioedit). Con la información obtenida del Blastn RDPSeqmatch y la matriz de distancias se le asignó la identificación más probable a cada OTU no clasificado.

K) Códigos KEGG y descripción (disponible una mayor información en la página web <https://www.genome.jp/kegg/>).

Tabla 29: Códigos KEGG de las rutas metabólicas.

Código	Ruta metabólica
ko00010	Glycolysis / Gluconeogenesis
ko00071	Fatty acid degradation
ko00195	Photosynthesis
ko00261	Monobactam biosynthesis
ko00480	Glutathione metabolism
ko00500	Starch and sucrose metabolism
ko00520	Amino sugar and nucleotide sugar metabolism
ko00521	Streptomycin biosynthesis
ko00540	Lipopolysaccharide biosynthesis
ko00550	Peptidoglycan biosynthesis
ko00625	Chloroalkane and chloroalkene degradation
ko00680	Methane metabolism
ko00710	Carbon fixation in photosynthetic organisms
ko00720	Carbon fixation pathways in prokaryotes
ko00900	Terpenoid backbone biosynthesis
ko00906	Carotenoid biosynthesis
ko00910	Nitrogen metabolism
ko00920	Sulfur metabolism
ko00980	Metabolism of xenobiotics by cytochrome P450
ko01110	Biosynthesis of secondary metabolites
ko01120	Microbial metabolism in diverse environments
ko01130	Biosynthesis of antibiotics
ko01200	Carbon metabolism
ko01220	Degradation of aromatic compounds

ko01230	Biosynthesis of amino acids
ko01501	Beta-Lactam resistance
ko01502	Vancomycin resistance
ko02010	ABC transporters
ko02026	Biofilm formation - Escherichia coli
ko02030	Bacterial chemotaxis
ko02060	Phosphotransferase system (PTS)
ko03010	Ribosome
ko03060	Protein export
ko03070	Bacterial secretion system
ko04112	Cell cycle – Caulobacter
ko05111	Biofilm formation - Vibrio cholerae

Tabla 30: Códigos KEGG de las enzimas implicadas en el metabolismo del S.

Código	Descripción de la enzima	Nombre
K00380	Sulfite reductase (NADPH) flavoprotein alpha-component [EC: 1.8.1.2]	CysJ
K00381	Sulfite reductase (NADPH) hemoprotein beta-component [EC: 1.8.1.2]	CysI
K00390	Phosphoadenosine phosphosulfate reductase [EC: 1.8.4.8 1.8.4.10]	CysH
K00392	Sulfite reductase (ferredoxin) [EC: 1.8.7.1]	Sir
K00394	Adenylylsulfate reductase, subunit A [EC: 1.8.99.2]	AprA
K00860	Adenylylsulfate kinase [EC: 2.7.1.25]	CysC
K00955	Bifunctional enzyme CysN/CysC [EC: 2.7.7.4 2.7.1.25]	CysNC
K00956	Sulfate adenylyltransferase subunit 1 [EC: 2.7.7.4]	CysN
K00957	Sulfate adenylyltransferase subunit 2 [EC: 2.7.7.4]	CysD
K00958	Sulfate adenylyltransferase [EC: 2.7.7.4]	Sat
K08352	Thiosulfate reductase / polysulfide reductase chain A [EC: 1.8.5.5]	PshA

K08357	Tetrathionate reductase subunit A	TtrA
K11180	Dissimilatory sulfite reductase alpha subunit [EC: 1.8.99.5]	DsrA
K11181	Dissimilatory sulfite reductase beta subunit [EC: 1.8.99.5]	DsrB
K16936	Thiosulfate dehydrogenase [quinone] small subunit [EC: 1.8.5.2]	DoxA
K16952	Sulfur oxygenase/reductase [EC: 1.13.11.55]	Sor
K17222	Sulfur-oxidizing protein SoxA	SoxA
K17223	Sulfur-oxidizing protein SoxX	SoxX
K17224	S-sulfosulfanyl-L-cysteine sulfohydrolase [EC: 3.1.6.20]	SoxB
K17225	Sulfane dehydrogenase subunit SoxC	SoxC
K17226	Sulfur-oxidizing protein SoxY	SoxY
K17227	Sulfur-oxidizing protein SoxZ	SoxZ

Tabla 31: Códigos KEGG de las enzimas implicadas en el metabolismo del N.

Código	Descripción de la enzima	Nombre
K00360	Assimilatory nitrate reductase electron transfer subunit [EC:1.7.99.-]	NasB
K00362	Nitrite reductase (NADH) large subunit [EC: 1.7.1.15]	NirB
K00363	Nitrite reductase (NADH) small subunit [EC: 1.7.1.15]	NirD
K00366	Ferredoxin-nitrite reductase [EC: 1.7.7.1]	NirA
K00367	Ferredoxin-nitrate reductase [EC: 1.7.7.2]	NarB
K00368	Nitrite reductase (NO _x -forming) [EC: 1.7.2.1]	NirK
K00370	Nitrate reductase / nitrite oxidoreductase, alpha subunit [EC: 1.7.5.1 1.7.99.-]	NarG
K00371	Nitrate reductase / nitrite oxidoreductase, beta subunit [EC: 1.7.5.1 1.7.99.-]	NarH
K00372	Assimilatory nitrate reductase catalytic subunit [EC:1.7.99.-]	NasA
K00373	Nitrate reductase molybdenum cofactor assembly chaperone NarJ/NarW	NarJ
K00374	Nitrate reductase gamma subunit [EC: 1.7.5.1 1.7.99.-]	NarI
K00375	GntR transcriptional regulator / MocR family aminotransferase	K00375

K00376	Nitrous-oxide reductase [EC: 1.7.2.4]	NosZ
K00531	Nitrogenase delta subunit [EC: 1.18.6.1]	AnfG
K01455	Formamidase [EC: 3.5.1.49]	E3.5.1.49
K01501	Nitrilase [EC: 3.5.5.1]	E3.5.5.1
K02305	Nitric oxide reductase subunit C	NorC
K02586	Nitrogenase molybdenum-iron protein alpha chain [EC: 1.18.6.1]	NifD
K02587	Nitrogenase molybdenum-cofactor synthesis protein NifE	Knife
K02588	Nitrogenase iron protein NifH	NifH
K02589	Nitrogen regulatory protein PII 1	nifHD1
K02590	Nitrogen regulatory protein PII 1	nifHD2
K02591	Nitrogenase molybdenum-iron protein beta chain [EC: 1.18.6.1]	NifK
K02592	Nitrogenase molybdenum-iron protein NifN	NifN
K02593	Nitrogen fixation protein NifT	NifT
K04561	Nitric oxide reductase subunit B [EC: 1.7.2.5]	NorB
K10535	Hydroxylamine dehydrogenase [EC: 1.7.2.6]	Hao
K15864	Nitrite reductase (NO-forming) / hydroxylamine reductase [EC: 1.7.2.1 1.7.99.1]	NirS

Tabla 32: Códigos KEGG de transportadores de membrana tipo ABC.

Código	Sustrato transportado	Nombre
K02010	Fe ⁺³	AfuC
K02011	Fe ⁺³	AfuB
K02012	Fe ⁺³	AfuA
K02036	PO ₄ ³⁻	PstB
K02037	PO ₄ ³⁻	PstC
K02038	PO ₄ ³⁻	PstA
K02039	PO ₄ ³⁻	PhoU
K02040	PO ₄ ³⁻	PstS
K02045	SO ₄ ⁻²	CysA
K02046	SO ₄ ⁻²	CysU

K02047	SO ₄ ⁻²	CysW
K02048	SO ₄ ⁻²	CysP
K05845	Osmoprotectant	OpuC
K05846	Osmoprotectant	OpuBD
K05847	Osmoprotectant	OpuA
K10823	Oligopeptide	OppF
K11604	Mn/Fe	Sita
K11605	Mn/Fe	SitC
K11606	Mn/Fe	SitD
K11607	Mn/Fe	SitB
K11707	Mn/Zn/Fe	TroA
K11708	Mn/Zn/Fe	TroC
K11709	Mn/Zn/Fe	TroD
K11710	Mn/Zn/Fe	TroB
K15580	Oligopeptide	OppA
K15581	Oligopeptide	OppB
K15582	Oligopeptide	OppC
K15583	Oligopeptide	OppD

Tabla 33: Códigos KEGG de transportadores de membrana no ABC.

Código	Finalidad	Nombre
K03284	Mg ⁺²	CorA
K03286	OmpA-OmpF porin	TC.OOP
K03293	Aa	TC.AAT
K03294	aa : polyamine antiporter	TC.APA
K03297	Small multidrug	emrE, qac, mmr, smr
K03303	Lactate	LctP
K03305	Oligopeptide	TC.POT
K03306	P	TC.PIT

K03320	NH ₄ ⁺	Amt
K03321	SO ₄ ⁻²	TC.SULP
K03322	Mn ⁺²	MntH
K03324	P : Na ⁺ Symporter	YjbB
K03325	As ⁻³	ArsB

Tabla 34: Códigos KEGG de otras enzimas de interés.

Código	Descripción de la enzima	Nombre
K00428	Cytochrome c peroxidase [EC: 1.11.1.5]	EC:1.11.1.5
K03333	Cholesterol oxidase [EC: 1.1.3.6]	ChoD
K03781	Catalase [EC: 1.11.1.6]	KatE
K03782	Catalase-peroxidase [EC: 1.11.1.21]	KatG
K06324	Spore coat protein A, manganese oxidase [EC: 1.16.3.3]	CotA
K07217	Catalase containing Mn	K07217
K07481	Transposase IS5 family	K07481
K07483	Transposase	K07483
K07491	Putative transposase	K07491
K07493	Putative transposase	K07493
K07496	Putative transposase	K07496
K07497	Putative transposase	K07497
K01428	Urease subunit alpha [EC: 3.5.1.5]	UreC
K01429	Urease subunit beta [EC: 3.5.1.5]	UreB
K01430	Urease subunit gamma [EC: 3.5.1.5]	Urea
K19824	Rubryerythrin	FprB

L) Imágenes CARD-FISH

A continuación se muestran las imágenes de hibridación de las muestras (excepto las de las sondas de nivel de dominio; para verlas, ir al apartado 5.6.4). Cada imagen contiene su correspondiente barra de escala (la mayoría son de 10 µm):

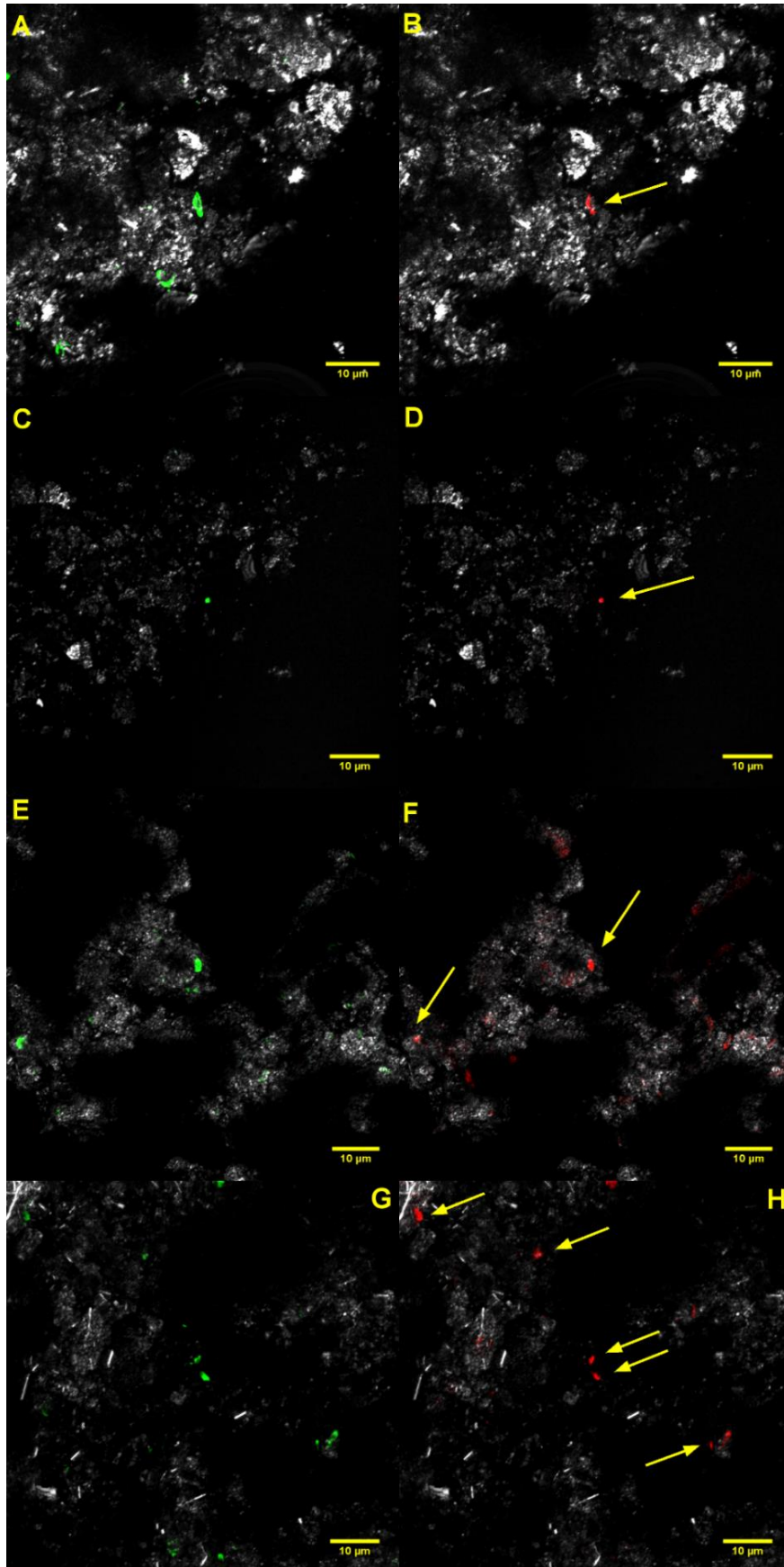


Figura 79: Señal de hibridación de α -Proteobacteria en Berr (A-B), P1 (C-D), Hem (E-F) y Mag (G-H) utilizando la sonda ALF 965. En verde la señal de Syto9; en rojo, la señal de CARD-FISH; en gris, la reflexión. Las barras de escala son 10 μ m

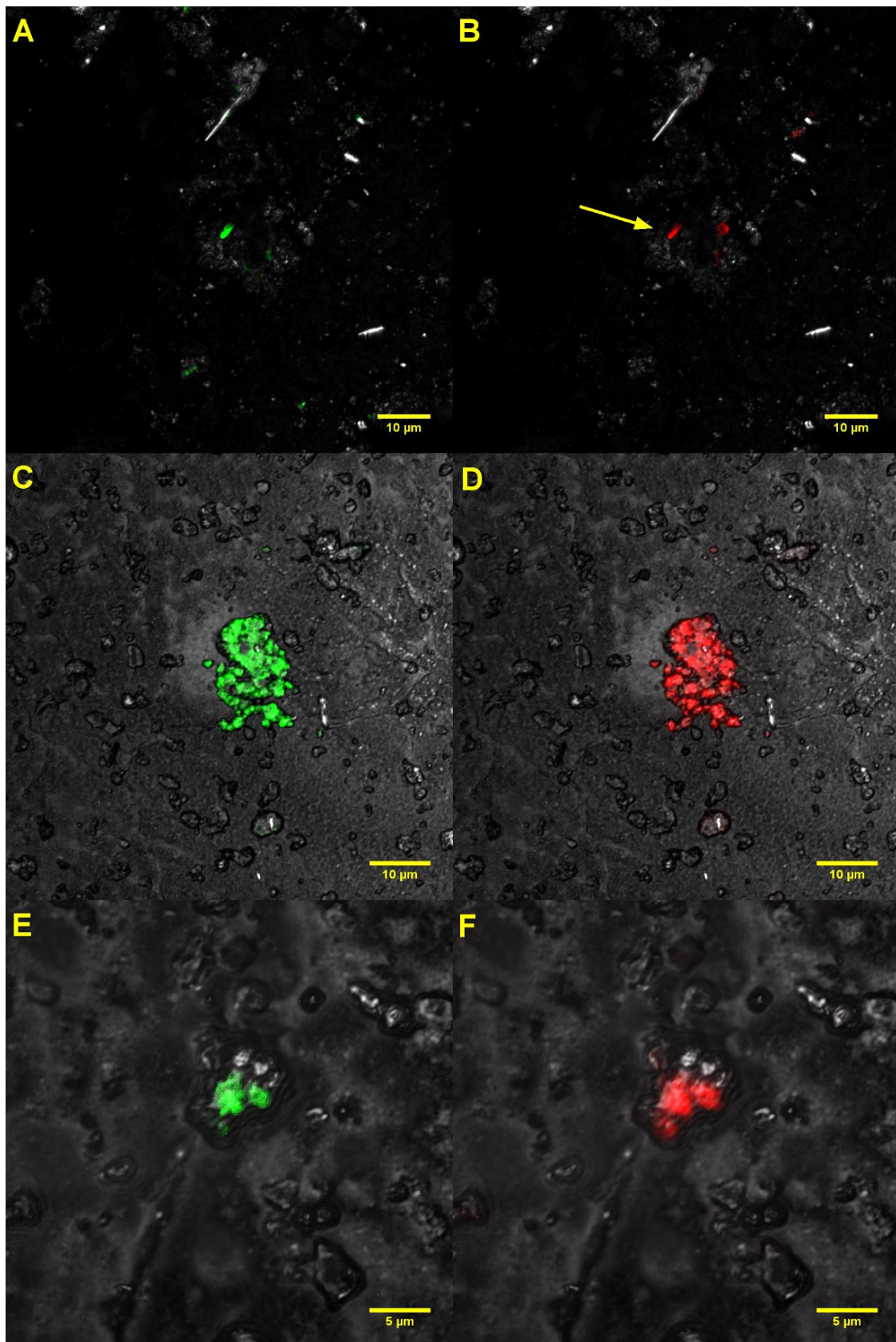


Figura 80: Señal de hibridación de β -Proteobacteria en P1 (A-B), Hem (C-D) y Mag (E-F) utilizando la sonda BET 42a. En verde la señal de Syto9; en rojo, la señal de CARD-FISH; en gris, la reflexión. Las barras de escala son 10 μ m, excepto E-F (5 μ m).

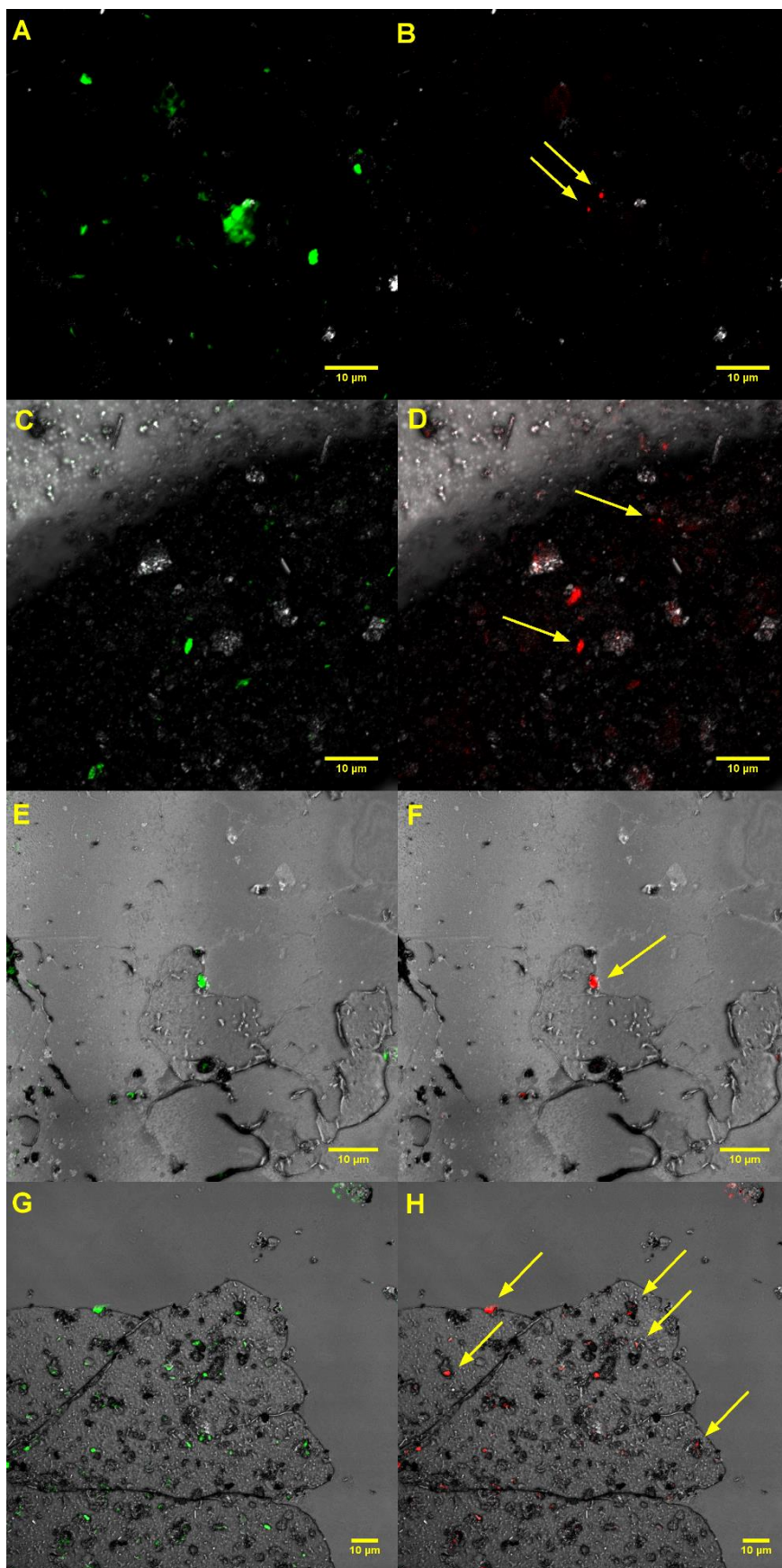


Figura 81: Señal de hibridación de γ -Proteobacteria en Berr (A-B), P1 (C-D), Hem (E-F) y Mag (G-H) utilizando la sonda GAM 42a. En verde la señal de Syto9; en rojo, la señal de CARD-FISH; en gris, la reflexión. Las barras de escala son 10 μ m.

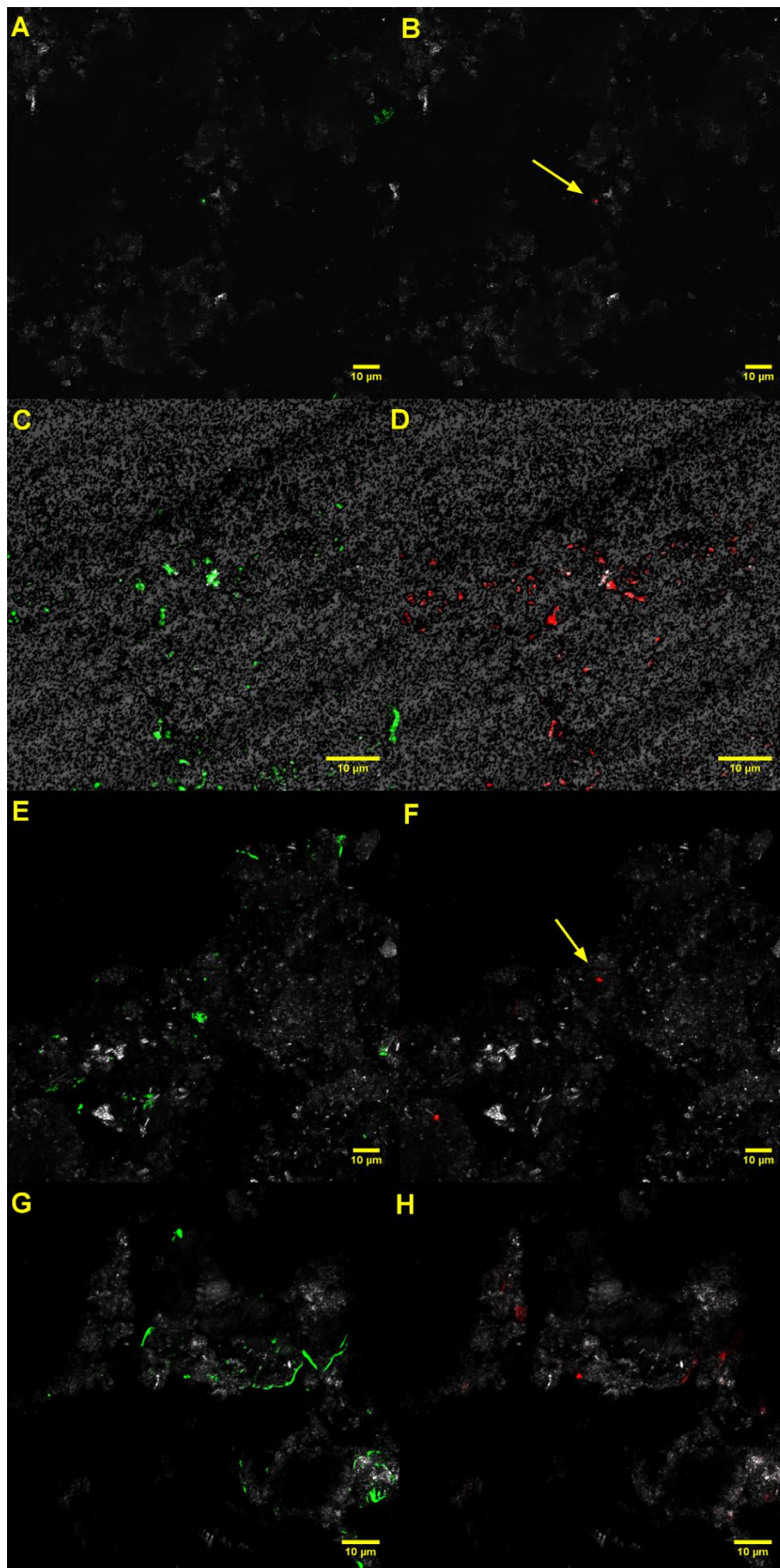


Figura 82: Señal de hibridación en P1 (A-B) y Hem (C-D) utilizando la sonda ACD 840 (*Acidiphillium* sp.) y señal de hibridación en las muestras Berr (E-F) y Hem

(G-H) con la sonda ACI 145 (*Acidovorax* sp.). En verde, la señal de Syto9, en rojo la señal de CARD-FISH y en gris, la reflexión. Las barras de escala son de 10 μ m.

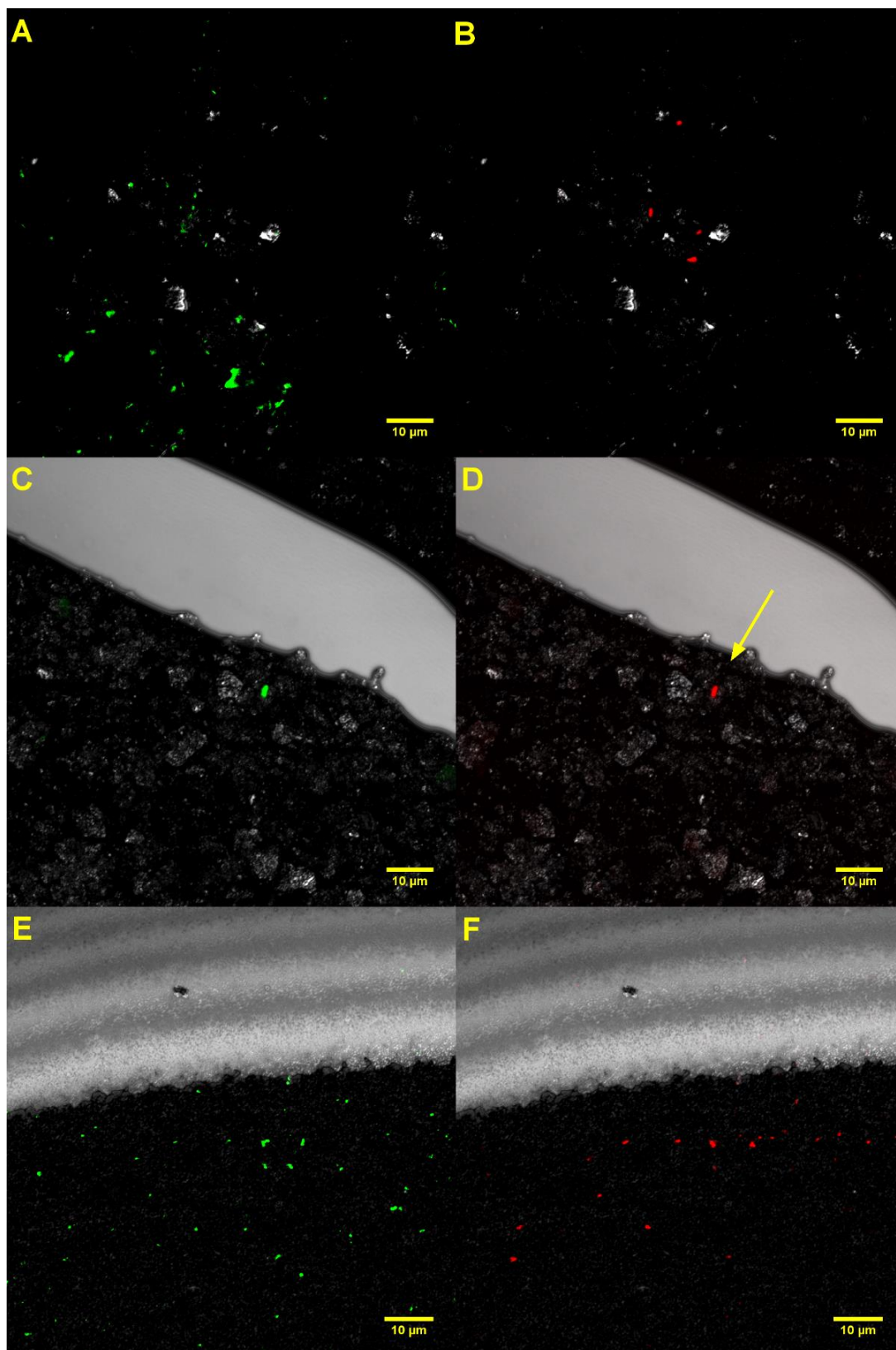


Figura 83: Señal de hibridación en Berr (A-B), P1 (C-D) y Hem (E-F) utilizando la sonda THIO820 (*Acidithiobacillus* sp.). En verde, la señal de Syto9; en rojo, la señal CARD-FISH y en gris la reflexión. Las barras de escala son de 10 μ m.

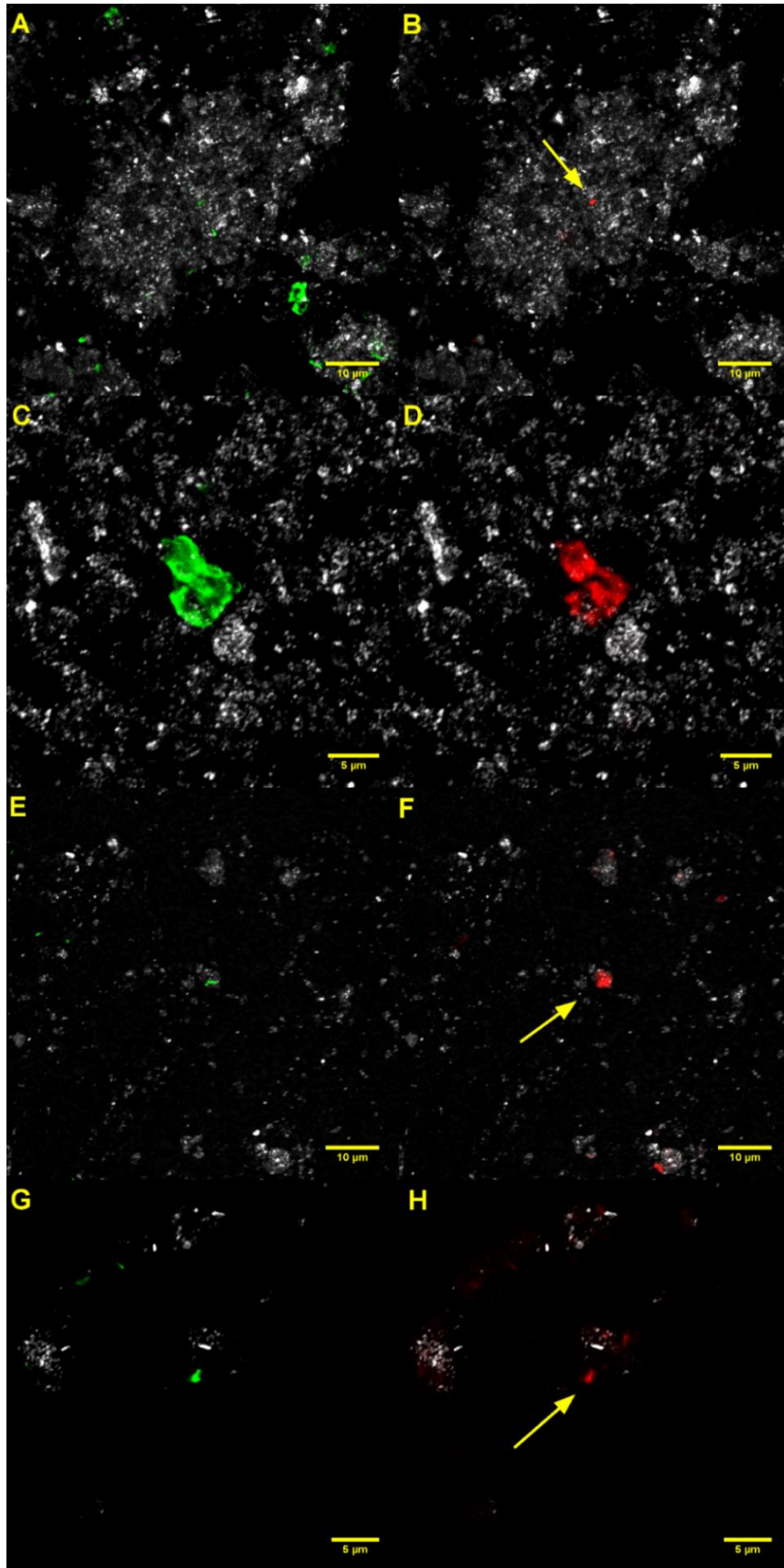


Figura 84: Señal de hibridación de Actinobacteria en las muestras de Berr (A-B), P1 (C-D), Hem (E-F) y Mag (G-H) utilizando la sonda HGC 69a. En verde, la señal de Syto9, en rojo la señal de CARD-FISH y en gris, la reflexión. Las barras de escala son 10 µm en A-B-E-F y 5 µm en las imágenes C-D-G-H.

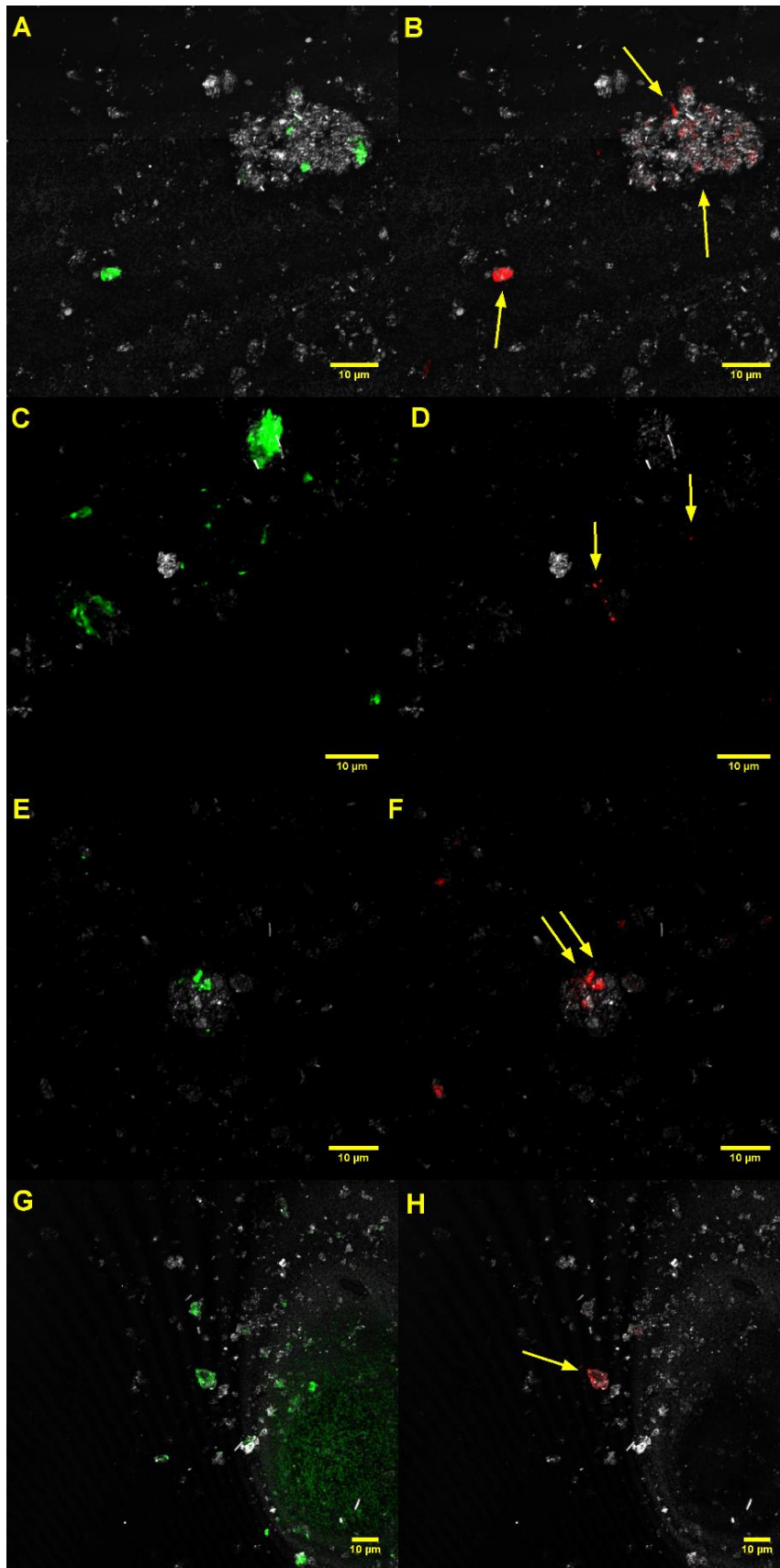


Figura 85: Señal de hibridación de Bacteroidetes (A-B) en Mag y Firmicutes en las muestras Berr (C-D), Hem (E-F) y Mag (G-H) utilizando las sondas CF 319a y LGC 354a + b respectivamente. En verde, la señal de Syto9; en rojo la señal CARD-FISH y en gris, la reflexión. Las barras de escala son de 10 μm.

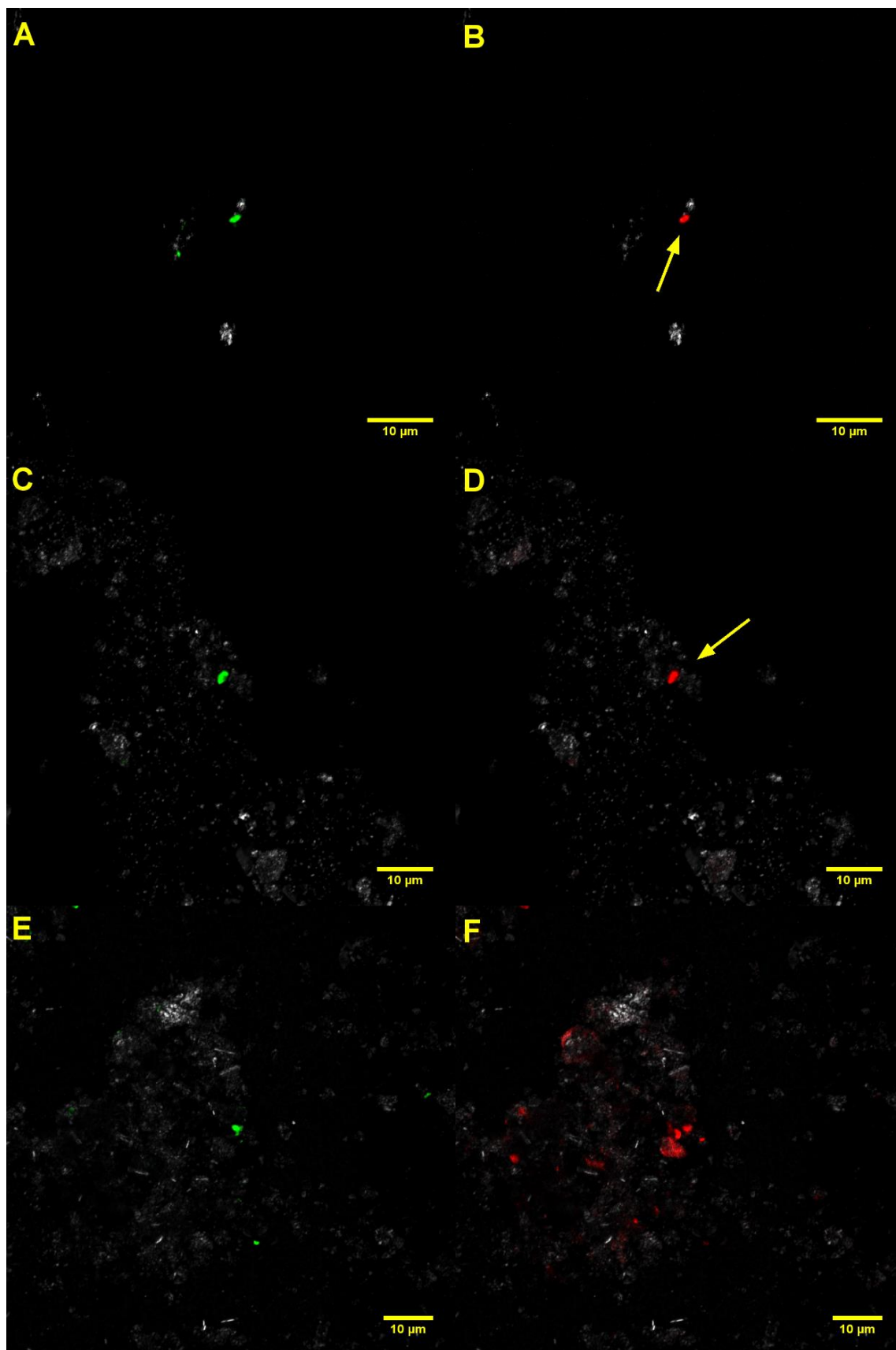


Figura 86: Señal de hibridación de *Sulfobacillus* sp. en las muestras de Berr (A-B), P1 (C-D) y Mag (E-F) utilizando la sonda SUL 228. En verde, la señal de Syto9; en rojo, la señal de CARD-FISH y en gris, la reflexión. Las barras de escala son de 10 μm .

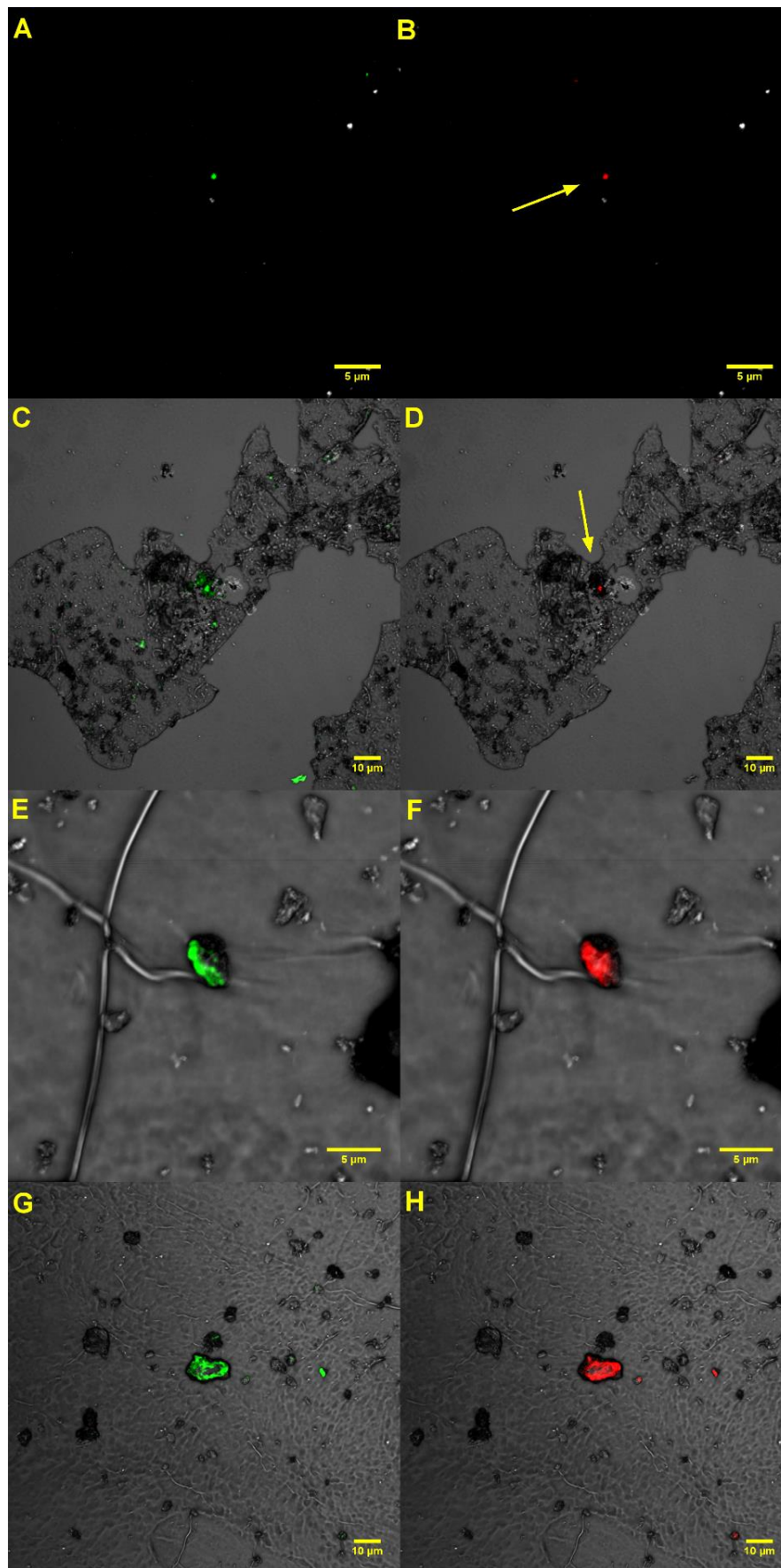


Figura 87: Señal de hibridación de Chloroflexi en las muestras Berr (A-B), P1 (C-D), Hem (E-F) y Mag (G-H) utilizando sondas CFX 1223 + GNSB 938 combinadas.

En verde, la señal de Syto9; en rojo la señal de CARD-FISH y en gris, la reflexión. Las barras de escala son 10 μm en A-B-E-F y 5 μm en las imágenes C-D-G-H.

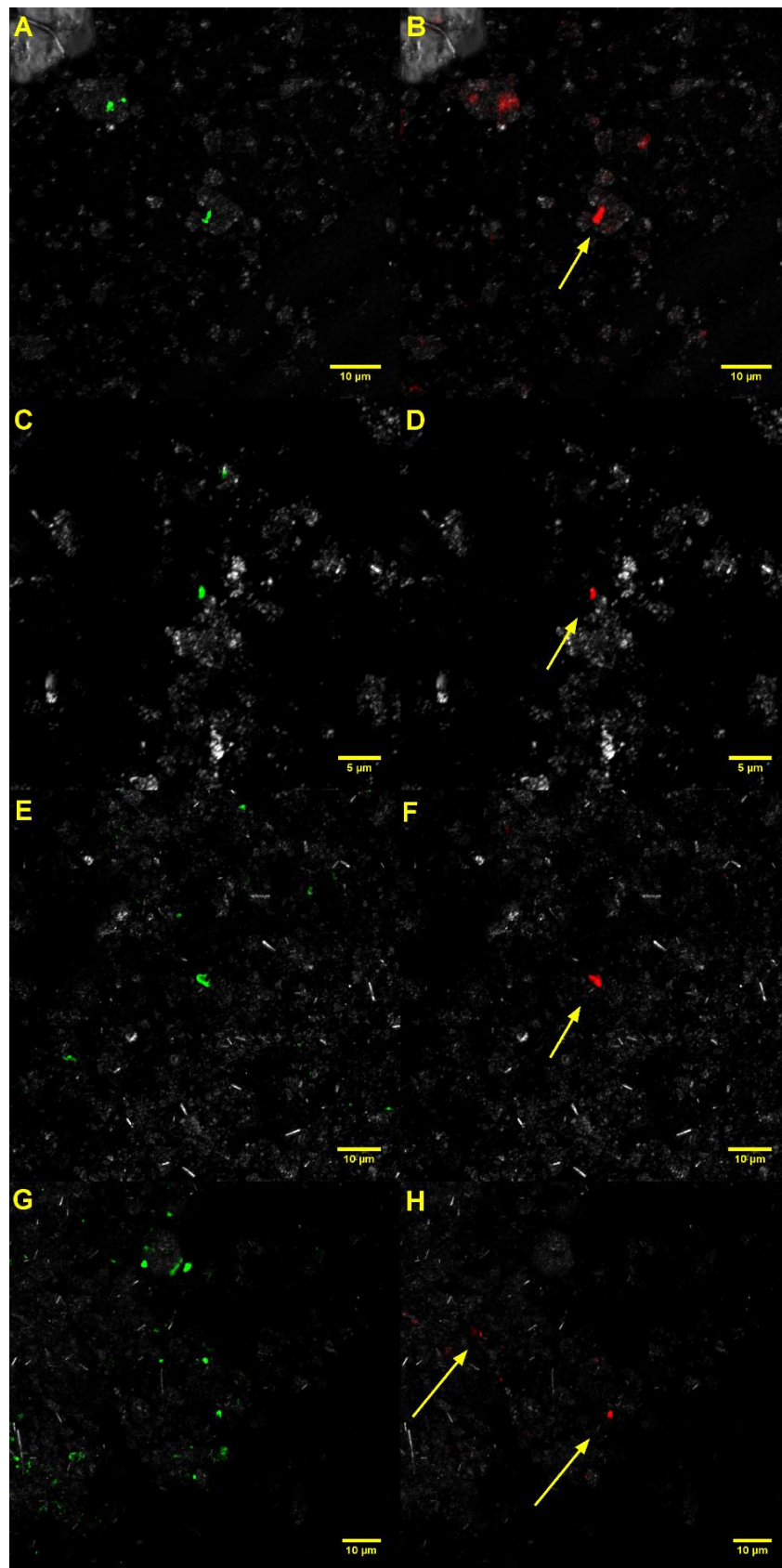


Figura 88: Señal de hibridación de Cyanobacteria (A-B) en Hem y señal de hibridación SRB en las muestras P1 (C-D), Hem (E-F) y Mag (G-H) utilizando las

sondas CYA 358 y SRB 385 respectivamente. En verde, la señal de Syto9; en rojo, la señal de CARD-FISH y en gris, reflexión. Escala: 10 μ m excepto C-D (5 μ m).

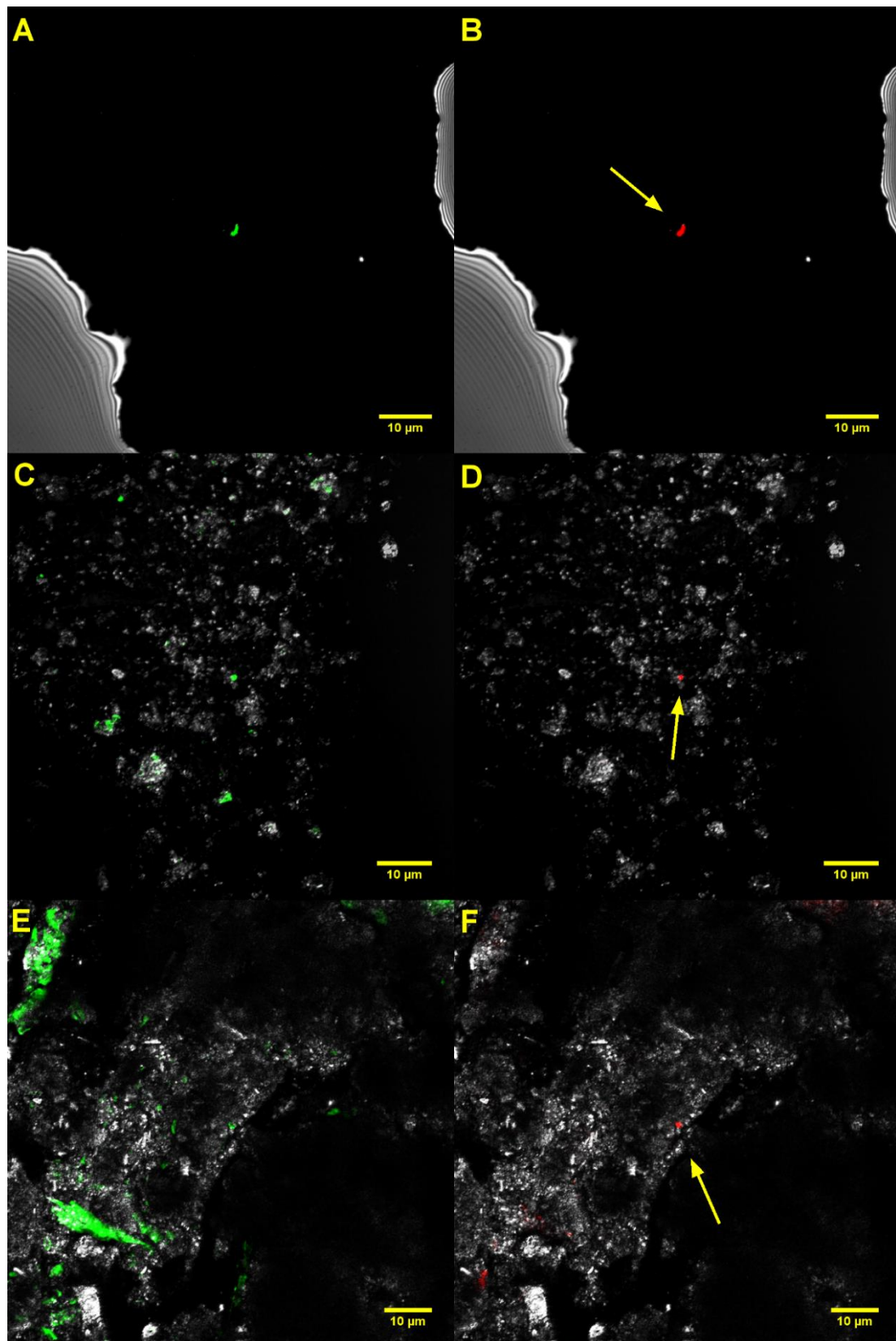


Figura 89: Señal de hibridación de Euryarchaeota en las muestras Berr (A-B), P1 (C-D) y Mag (E-F) utilizando la sonda EURY 803. En verde, la señal de Syto9; en rojo la señal de CARD-FISH y en gris, la reflexión. Las barras de escala son de 10 μ m.

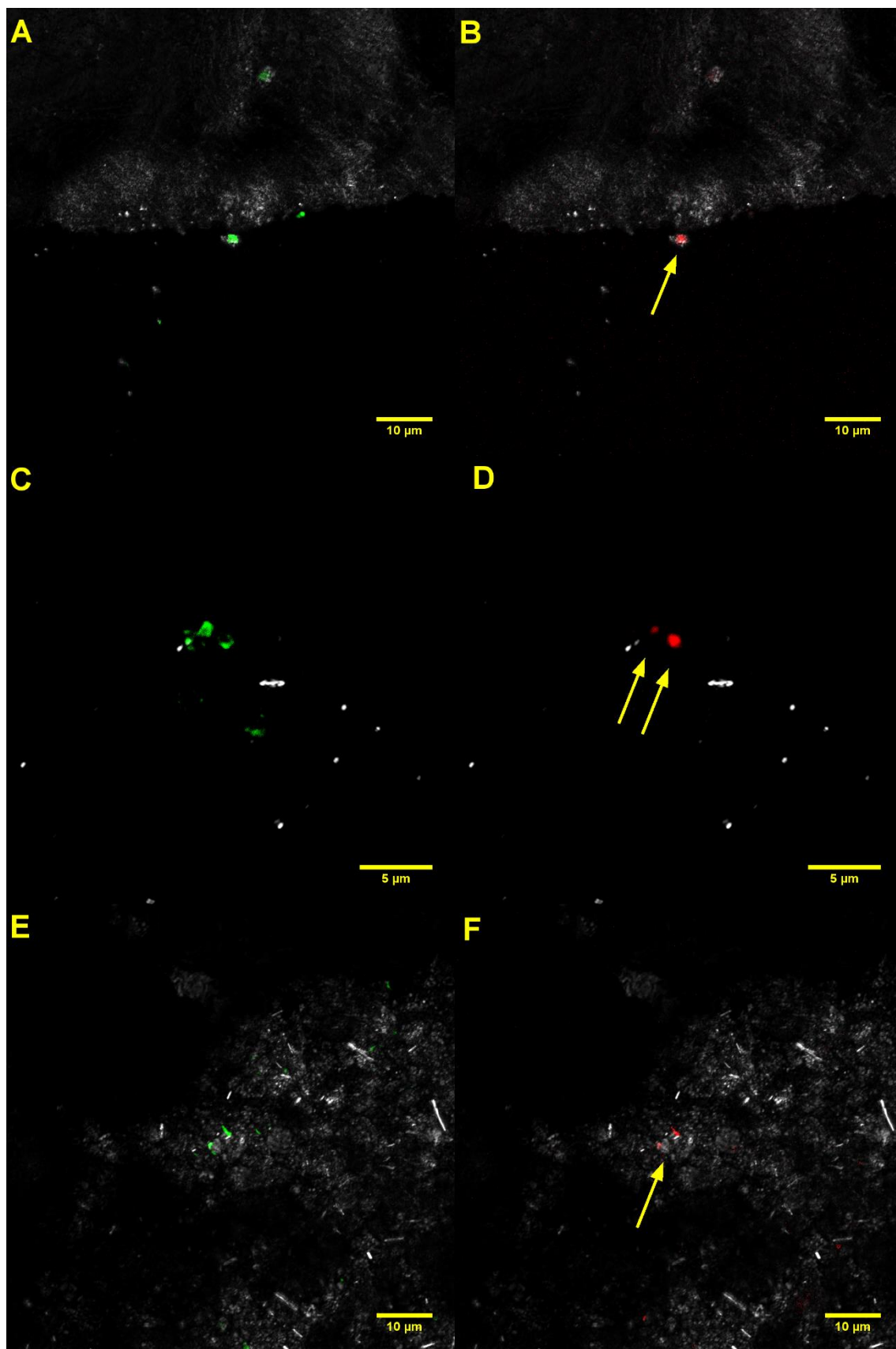


Figura 90: Señal de hibridación de Acidobacterias en las muestras Berr (A-B), Hem (C-D) y Mag (E-F) utilizando la sonda SS HOL 1400. En verde, la señal de Syto9; en rojo la señal de CARD-FISH y en gris, la reflexión. Las barras de escala son de 10 μm.

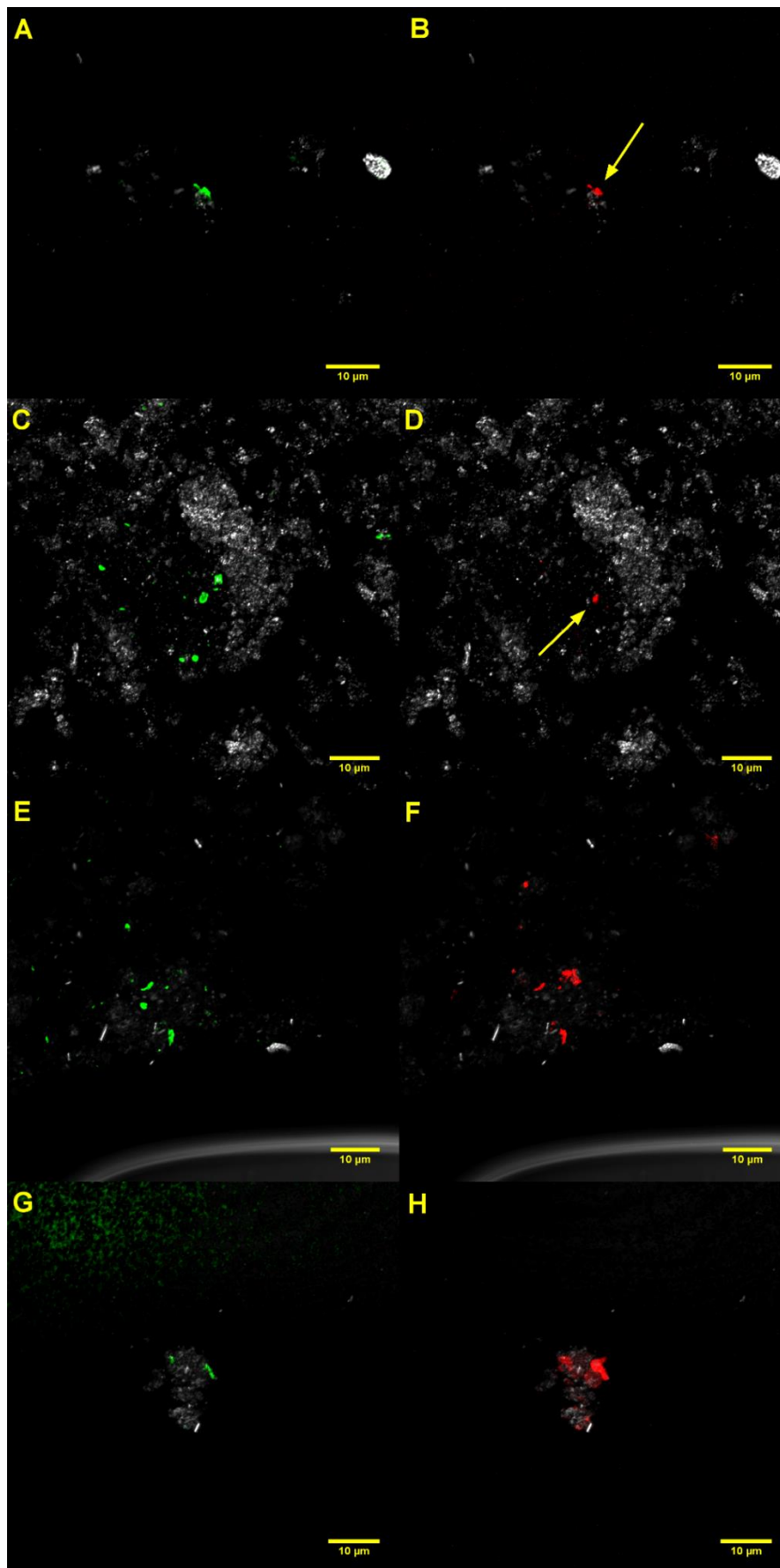


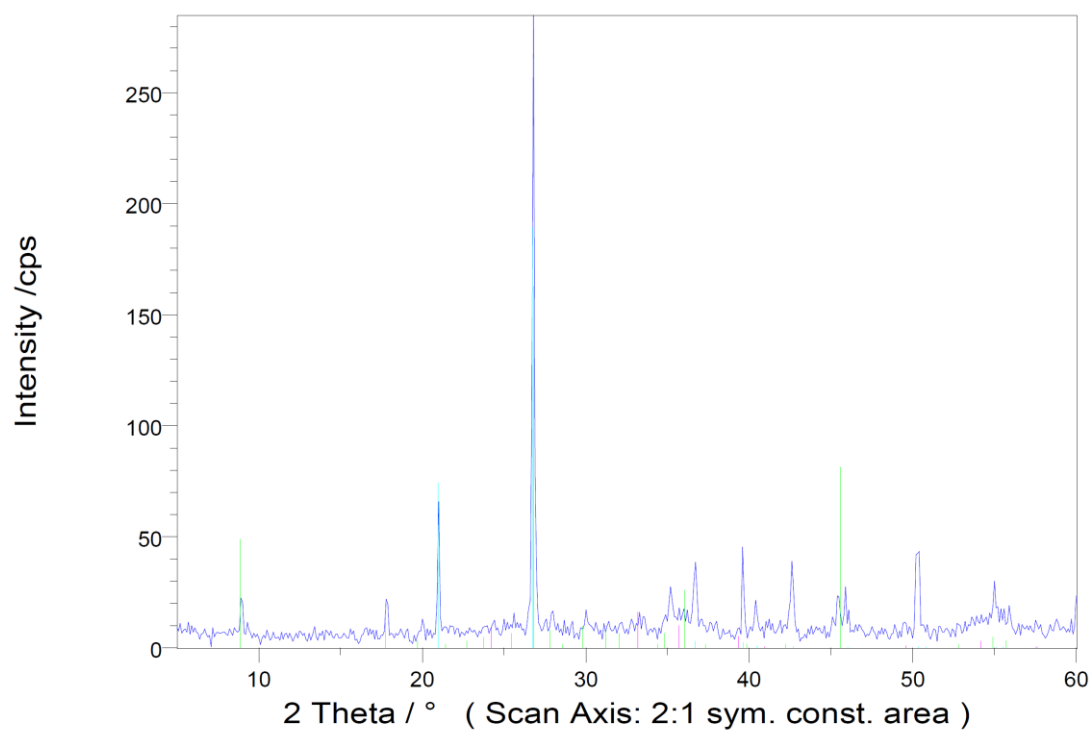
Figura 91: Señal de hibridación de *Leptospirillum* sp. en las muestras de Berr (A-B), P1 (C-D), Hem (E-F) y Mag (G-H) utilizando la sonda LF 655. En verde, la señal

de Syto9; en rojo la señal de CARD-FISH y en gris, la reflexión. Las barras de escala son de 10 μm

M) XRD e ICP-MS. Datos originales obtenidos

En las páginas siguientes se mostrarán primero los datos brutos obtenidos del XRD y posteriormente los datos brutos de los análisis semicuantitativos del ICP-MS. El orden que siguen en las páginas sucesivas en ambos casos son: **Hem, Mag, Ror, Berr1, Berr2, Berr3, N-Berrocal, P1Ext, P1Int, P1Mix:**

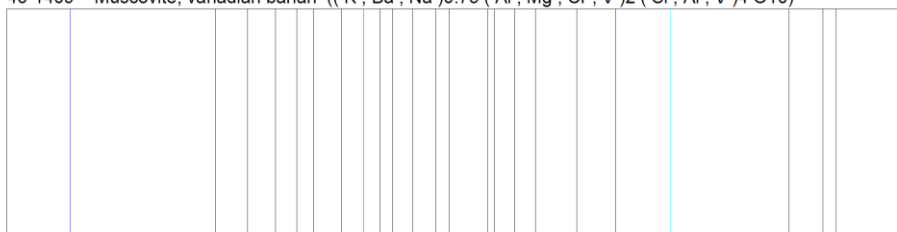
Capa 1 roja.NJC - Jose



83-2466 Quartz, syn (Si O₂)



46-1409 Muscovite, vanadian barian ((K , Ba , Na)0.75 (Al , Mg , Cr , V)2 (Si , Al , V)4 O₁₀)



85-987 Haematite (Fe₂ O₃)



Jul-06-2016 15:42

Job: Capa 1 roja.NJC - Jose
Scan Axis: 2:1 sym. const. area 5.000° ... 60.000°;0.100° 2.0s
Radiation: Cu = 0.15405980nm
Database: PDF2 Release 1999 in directory c:\users\public\rayflex\pdf2
Number of PDF phases : 124564

Results:
Peaks: 16 matched: 14
Phases: 35 accepted: 3
83-2466 Quartz, syn FOM=0.506 SOM=1.984
46-1409 Muscovite, vanadian barian FOM=0.783 SOM=17.697
85- 987 Haematite FOM=2.785 SOM=40.000

Settings:
Method: 2 Strongest Lines
Deleted Phases: used
Long Search
Error Window: $0.1^\circ \cdot (1 + \sin(\text{Theta}))$
Theta Shift: 0.000°
Max Proposals: 500
rel. Intensity Level: 60%
Intensity Threshold: 0%
Database: Set 1-49 with Subfile selection
Mineral File

Seifert Analyze

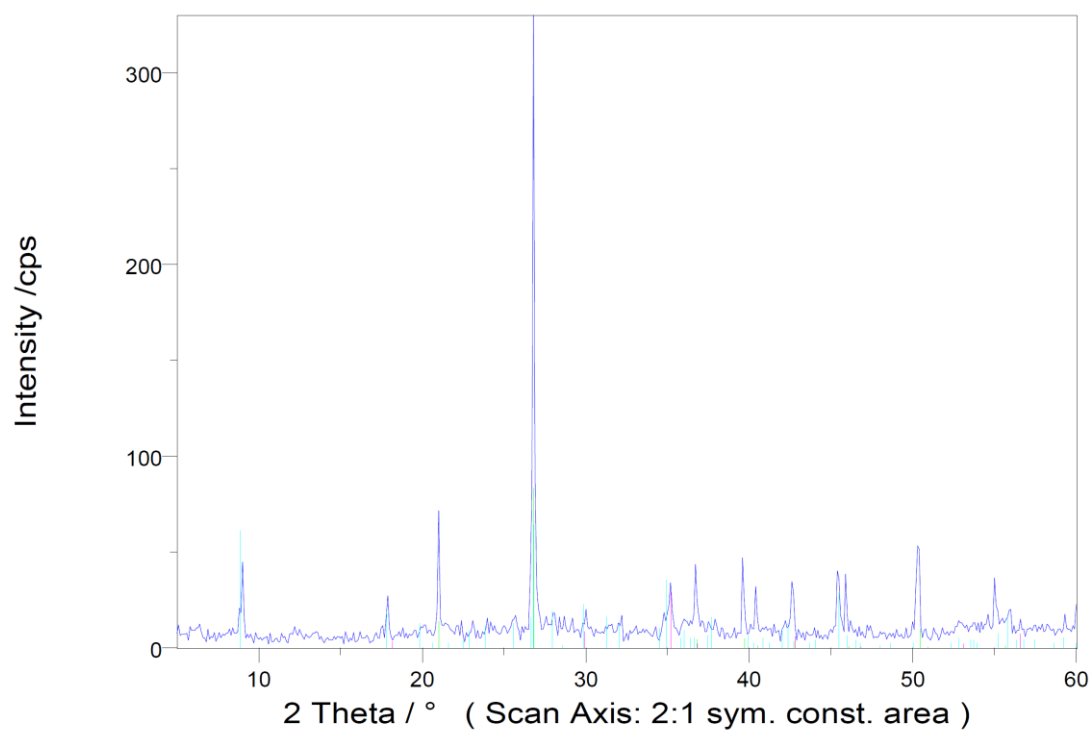
Seifert Analyze

No	d_Fit(A1)	\angle_{Parab}	\angle_{COG}	Limit _{Low}	Limit _{Upp}	I _{Net}	I _{Bgr}	FWHM
1	9.9087	8.9173	8.9460	8.8000	9.1000	19.64	0.00	0.2637
2	4.9742	17.8171	17.8419	17.7000	18.0000	19.10	0.00	0.2569
3	4.2272	20.9985	21.0119	20.8000	21.1000	42.56	0.00	0.1832
4	3.3242	26.7974	26.8112	26.6000	27.0000	100.52	0.00	0.2074
5	3.3242	26.7974	26.8112	26.6000	27.0000	100.52	0.00	0.2074
6	2.6884	33.3000	33.3105	32.6000	33.8000	16.00	0.00	0.7143
7	2.5470	35.2074	35.2098	34.7000	36.4000	24.69	0.00	1.0892
8	2.4478	36.6842	36.7063	36.4000	36.9000	35.17	0.00	0.3344
9	2.2732	39.6148	39.6156	39.5000	39.8000	30.42	0.00	0.2328
10	2.2301	40.4136	40.4164	40.2000	40.6000	18.29	0.00	0.3699
11	2.1207	42.5971	42.6158	42.3000	42.8000	33.09	0.00	0.3489
12	1.9939	45.4519	45.4585	45.3000	45.7000	20.98	0.00	0.3866
13	1.9744	45.9259	45.9105	45.7000	46.0000	20.09	0.00	0.3049
14	1.8157	50.2062	50.3114	50.1000	50.5000	43.88	0.00	0.3251
15	1.6676	55.0205	55.0121	54.6000	55.3000	12.22	0.00	0.6553
16	1.6676	55.0205	55.0121	54.6000	55.3000	12.22	0.00	0.6553

Jul-06-2016 15:42

3

Capa 4 amarilla.NJC - Jose



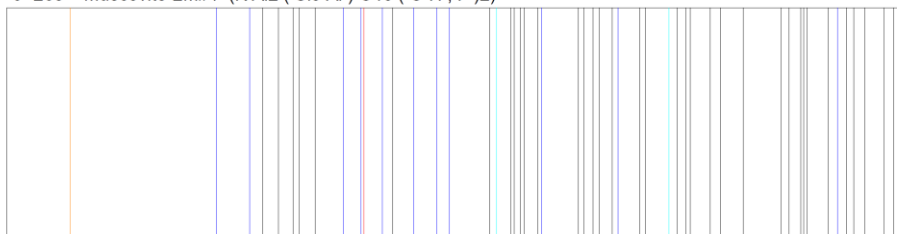
78-1254 Quartz α -alpha, syn (Si O₂)



86-1352 Magnetite - from Nagatoro, Saitama Pref., Japan (Fe₂.932 O₄)



6- 263 Muscovite-2M#1 (K Al₂ (Si₃ Al) O₁₀ (O H , F)₂)



Jul-05-2016 09:57

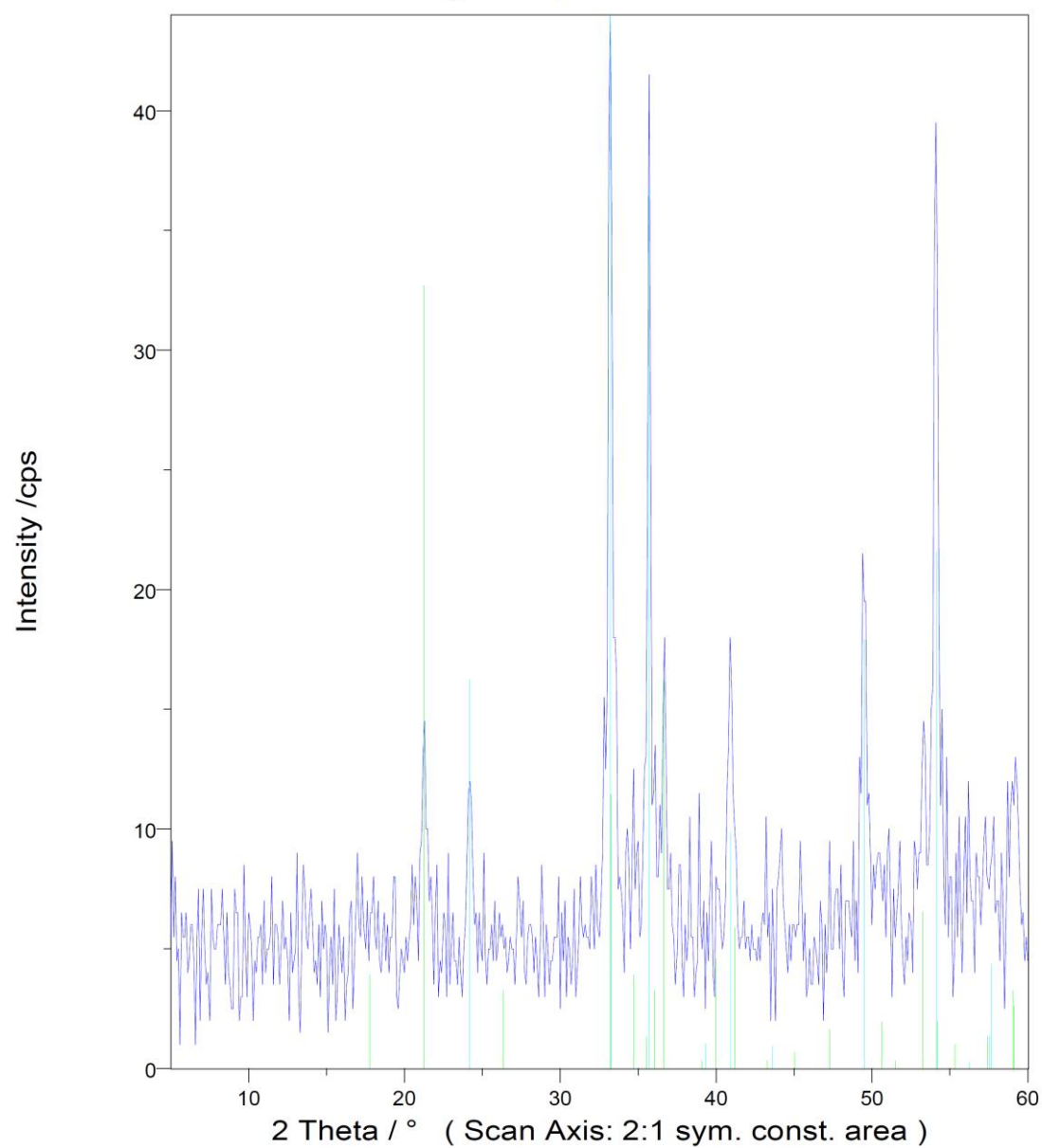
Job: Capa 4 amarilla.NJC - Jose
Scan Axis: 2:1 sym. const. area 5.000° ... 60.000°; 0.100° 2.0s
Radiation: Cu = 0.15405980nm
Database: PDF2 Release 1999 in directory c:\users\public\rayflex\pdf2
Number of PDF phases : 124564

Results:
Peaks: 21 matched: 19
Phases: 46 accepted: 3
78-1254 Quartz α , syn FOM=0.325 SOM=4.919
86-1352 Magnetite - from Nagatoro, Saitama Pref., Japan FOM=1.051 SOM=7.055
6-263 Muscovite-2M#1 FOM=1.851 SOM=6.532

Settings:
Method: 2 Strongest Lines
Deleted Phases: not used
Long Search
Error Window: $0.1^\circ \cdot (1 + \sin(\Theta))$
Theta Shift: 0.000°
Max Proposals: 500
rel. Intensity Level: 60%
Intensity Threshold: 0%
Database: Set 1-49 with Subfile selection
Mineral File

No	d_Fit(A1)	\angle_{Parab}	\angle_{COG}	Limit _{Low}	Limit _{Upp}	I _{Net}	I _{Bgr}	FWHM
1	9.8532	8.9677	9.0119	8.7000	9.2000	31.80	0.00	0.3393
2	4.9529	17.8945	17.9094	17.7000	18.0000	21.23	0.00	0.2506
3	4.2267	21.0010	21.0122	20.8000	21.1000	44.54	0.00	0.1808
4	3.4736	25.6248	25.6304	25.2000	26.0000	15.87	0.00	0.6921
5	3.3239	26.7995	26.8126	26.6000	27.0000	52.80	0.00	0.1817
6	3.3239	26.7995	26.8126	26.6000	27.0000	105.60	0.00	0.1817
7	2.9791	29.9700	30.0108	29.7000	30.4000	7.96	0.00	0.6890
8	2.9791	29.9700	30.0108	29.7000	30.4000	7.96	0.00	0.6890
9	2.7890	32.0658	32.2004	30.5000	32.3000	13.36	0.00	1.7595
10	2.5494	35.1739	35.2098	34.6000	35.4000	28.03	0.00	0.4527
11	2.4458	36.7156	36.7146	36.5000	37.0000	4.12	0.00	0.3293
12	2.4458	36.7156	36.7146	36.5000	37.0000	4.12	0.00	0.3293
13	2.4458	36.7156	36.7146	36.5000	37.0000	16.47	0.00	0.3293
14	2.2727	39.6236	39.6162	39.5000	39.8000	32.73	0.00	0.2506
15	2.2304	40.4081	40.4150	40.3000	40.6000	23.15	0.00	0.2651
16	2.1199	42.6138	42.6292	42.4000	42.8000	30.18	0.00	0.2971
17	1.9946	45.4360	45.4473	45.3000	45.8000	34.15	0.00	0.2800
18	1.9755	45.8988	45.9146	45.8000	46.1000	25.73	0.00	0.2370
19	1.8122	50.3095	50.3509	50.1000	50.5000	53.40	0.00	0.2910
20	1.6670	55.0435	55.0165	54.9000	55.3000	27.33	0.00	0.3747
21	1.5568	59.3120	59.3131	59.1000	59.7000	14.05	0.00	1.0711

3B origen izquierda.NJC - Jose



79- 7 Hematite (Fe₂O₃)



29- 713 Goethite (Fe O (O H))



Dec-16-2016 13:15

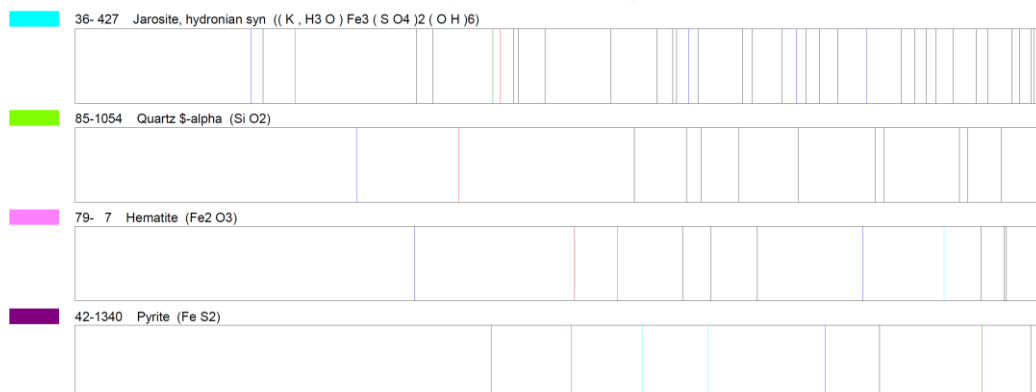
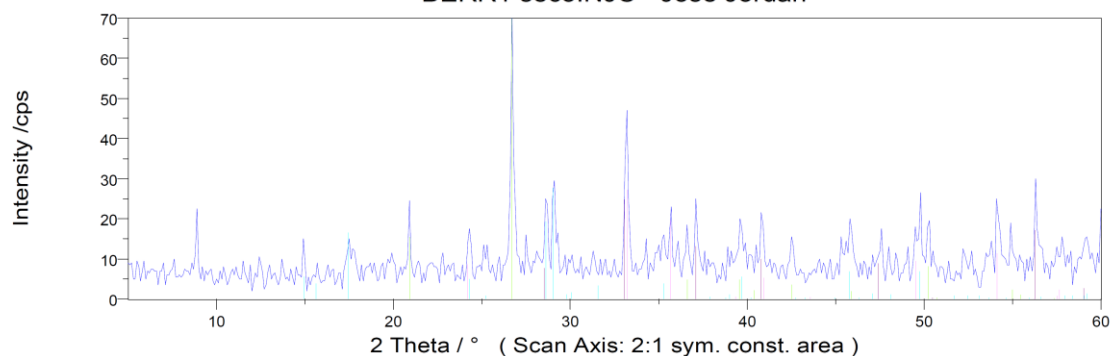
Job: 3B origen izquierda.NJC - Jose
Scan Axis: 2:1 sym. const. area 5.000° ... 60.000°;0.100° 2.0s
Radiation: Cu = 0.15405980nm
Database: PDF2 Release 1999 in directory c:\users\public\rayflex\pdf2
Number of PDF phases : 124564

Results:
Peaks: 21 matched: 16
Phases: 48 accepted: 2
79- 7 Hematite FOM=0.211 SOM=3.262
29- 713 Goethite FOM=0.917 SOM=2.629

Settings:
Method: 3 Strongest Lines
Deleted Phases: used
Long Search
Error Window: $0.1^\circ \cdot (1 + \sin(\text{Theta}))$
Theta Shift: 0.000°
Max Proposals: 500
rel. Intensity Level: 60%
Intensity Threshold: 0%
Database: Set 1-49 with Subfile selection
Mineral File

No	d_Fit(A1)	\angle_{Parab}	\angle_{COG}	Limit _{Low}	Limit _{Upp}	I _{Net}	I _{Bgr}	FWHM
1	4.1702	21.2892	21.2748	20.3000	21.9000	13.27	0.00	0.8436
2	3.6759	24.1922	24.2159	23.8000	25.3000	12.13	0.00	0.5940
3	2.7290	32.7913	32.8197	30.0000	32.9000	15.50	0.00	0.4208
4	2.6964	33.1985	33.1703	32.6000	33.8000	21.74	0.00	0.3514
5	2.6964	33.1985	33.1703	32.6000	33.8000	21.74	0.00	0.3514
6	2.5820	34.7150	34.7102	34.1000	35.2000	12.50	0.00	0.5455
7	2.5130	35.7004	35.7152	35.2000	36.5000	35.41	0.00	0.3123
8	2.4851	36.1141	36.0531	35.9000	36.2000	13.50	0.00	0.2172
9	2.4475	36.6897	36.6739	35.9000	37.3000	16.78	0.00	0.5708
10	2.3475	38.3116	38.3125	37.9000	38.6000	9.20	0.00	0.4258
11	2.3141	38.8862	38.9142	38.6000	40.5000	10.11	0.00	0.2865
12	2.2042	40.9090	40.9434	40.5000	41.5000	16.90	0.00	0.6862
13	2.0902	43.2495	43.2116	42.2000	43.5000	10.50	0.00	0.5778
14	2.0514	44.1100	44.1067	43.8000	45.8000	9.31	0.00	0.6865
15	1.8506	49.1955	49.2384	46.9000	49.3000	13.00	0.00	0.5056
16	1.8401	49.4940	49.4922	49.0000	51.2000	21.61	0.00	0.6522
17	1.7174	53.3000	53.3194	52.5000	53.7000	14.46	0.00	1.5770
18	1.6937	54.1041	54.0966	53.6000	54.7000	19.67	0.00	0.3754
19	1.6937	54.1041	54.0966	53.6000	54.7000	19.67	0.00	0.3754
20	1.6069	57.2876	57.5414	55.6000	58.5000	9.82	0.00	1.5653
21	1.5605	59.1580	59.1326	58.5000	59.8000	12.38	0.00	0.9952

BERR1 seco.NJC - Jose Jordan

Feb-21-2017 08:35
Seifert Analyze

Search/Match Report

Seifert Analyze

Job: BERR1 seco.NJC - Jose Jordan
 Scan Axis: 2:1 sym. const. area 5.000° ... 60.000°; 0.100° 2.0s
 Radiation: Cu = 0.15405980nm
 Database: PDF2 Release 1999 in directory c:\power diffraction file\pdf2
 Number of PDF phases : 124564

Results:
 Peaks: 30 matched: 28
 Phases: 4 accepted: 4
 85-1054 Quartz β -alpha FOM=0.224 SOM=3.549
 79- 7 Hematite FOM=0.498 SOM=3.253
 42-1340 Pyrite FOM=0.825 SOM=2.981
 36- 427 Jarosite, hydronian syn FOM=1.034 SOM=7.100

Settings:
 Method: 1 Strongest Lines
 Deleted Phases: not used
 Long Search
 Error Window: 0.1° *(1+sin(Theta))
 Theta Shift: 0.000°
 Max Proposals: 500
 rel. Intensity Level: 60%
 Intensity Threshold: 0%
 Database: Set 1-49 with Subfile selection
 Mineral File
 Zeolites

Feb-21-2017 08:35

2

No	d_Fit(A1)	\angle_{Parab}	\angle_{COG}	Limit _{Low}	Limit _{Up}	I _{Net}	I _{Bgr}	FWHM
1	9.9290	8.8990	8.9105	8.7000	9.0000	21.53	0.00	0.1966
2	5.9404	14.9012	14.9168	14.8000	15.1000	13.66	0.00	0.2216
3	4.2471	20.8990	20.9125	20.8000	21.0000	23.28	0.00	0.1774
4	3.6606	24.2953	24.2774	24.1000	24.5000	8.43	0.00	0.3411
5	3.6606	24.2953	24.2774	24.1000	24.5000	8.43	0.00	0.3411
6	3.3359	26.7012	26.7137	26.5000	27.0000	67.65	0.00	0.2043
7	3.1164	28.6206	28.6506	28.5000	28.9000	11.65	0.00	0.2868
8	3.1164	28.6206	28.6506	28.5000	28.9000	11.65	0.00	0.2868
9	3.0665	29.0964	29.0832	28.9000	29.4000	27.82	0.00	0.3893
10	2.6964	33.1985	33.2102	32.9000	33.4000	22.53	0.00	0.2774
11	2.6964	33.1985	33.2102	32.9000	33.4000	22.53	0.00	0.2774
12	2.5130	35.7003	35.7079	35.5000	35.9000	21.94	0.00	0.2786
13	2.4533	36.5996	36.6125	36.3000	36.8000	16.99	0.00	0.4536
14	2.4214	37.0985	37.1139	36.9000	37.4000	23.59	0.00	0.3009
15	2.2729	39.6204	39.6385	39.2000	40.0000	9.05	0.00	0.7662
16	2.2729	39.6204	39.6385	39.2000	40.0000	9.05	0.00	0.7662
17	2.2089	40.8180	40.8365	40.6000	41.0000	9.44	0.00	0.3713
18	2.2089	40.8180	40.8365	40.6000	41.0000	9.44	0.00	0.3713
19	1.9794	45.8044	45.8395	45.2000	46.2000	8.69	0.00	0.9254
20	1.9794	45.8044	45.8395	45.2000	46.2000	8.69	0.00	0.9254
21	1.9105	47.5552	47.6075	47.2000	47.7000	14.43	0.00	0.3061
22	1.8294	49.8043	49.8103	49.4000	50.0000	24.46	0.00	0.4642
23	1.8131	50.2834	50.2683	50.1000	50.4000	18.00	0.00	0.2913
24	1.6934	54.1163	54.1321	54.0000	54.5000	23.48	0.00	0.3582
25	1.6710	54.8993	54.9159	54.4000	55.7000	17.61	0.00	0.4369
26	1.6326	56.3057	56.3157	56.2000	56.8000	14.11	0.00	0.2662
27	1.6326	56.3057	56.3157	56.2000	56.8000	14.11	0.00	0.2662
28	1.5842	57.7876	57.8207	57.1000	58.4000	13.85	0.00	1.2170
29	1.5603	59.1650	59.1640	58.4000	59.9000	7.66	0.00	1.0204
30	1.5603	59.1650	59.1640	58.4000	59.9000	7.66	0.00	1.0204

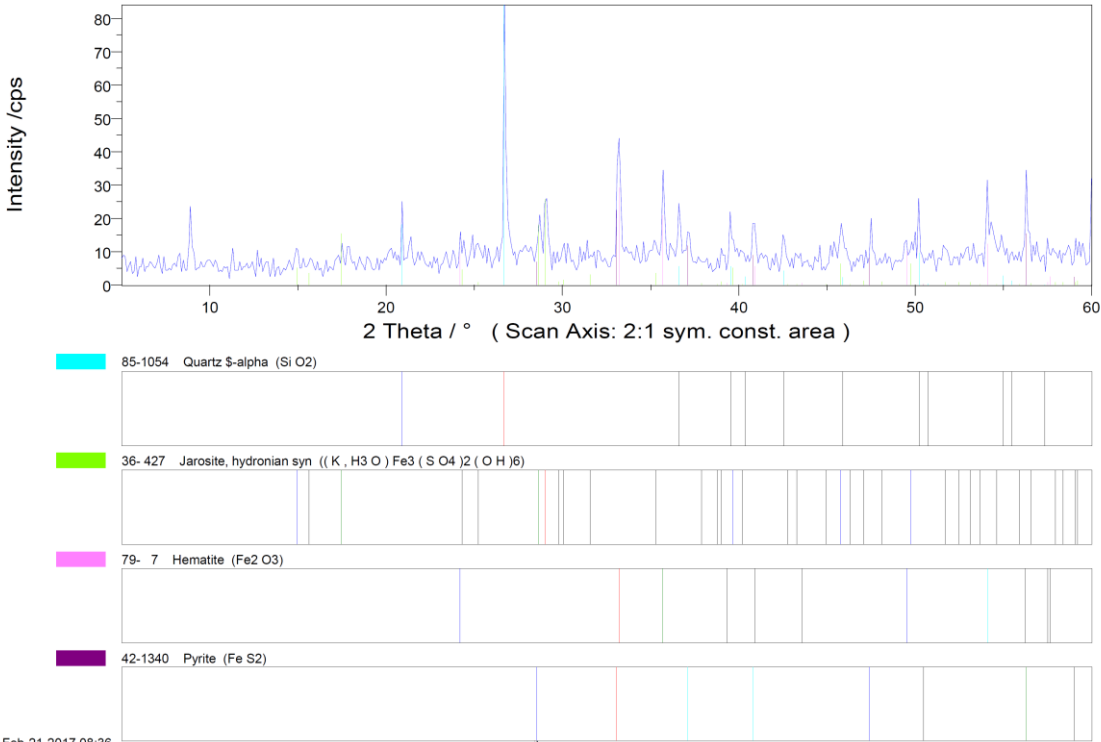
Feb-21-2017 08:35

3

Seifert Analyze

Seifert Analyze

BERR2 seco.NJC - Jose Jordan



Feb-21-2017 08:36

Job: BERR2 seco.NJC - Jose Jordan
Scan Axis: 2:1 sym. const. area 5.000° ... 60.000°; 0.100° 2.0s
Radiation: Cu = 0.15405980nm
Database: PDF2 Release 1999 in directory c:\power diffraction file\pdf2
Number of PDF phases : 124564

Results:
Peaks: 19 matched: 18
Phases: 4 accepted: 4
85-1054 Quartz β -alpha FOM=0.221 SOM=3.559
79- 7 Hematite FOM=0.496 SOM=4.289
42-1340 Pyrite FOM=1.194 SOM=4.359
36- 427 Jarosite, hydronian syn FOM=1.966 SOM=29.360

Settings:
Method: 1 Strongest Lines
Deleted Phases: not used
Long Search
Error Window: $0.1^\circ \cdot (1 + \sin(\Theta))$
Theta Shift: 0.000°
Max Proposals: 500
rel. Intensity Level: 60%
Intensity Threshold: 0%
Database: Set 1-49 with Subfile selection
Mineral File
Zeolites

Feb-21-2017 08:36
Seifert Analyze

2

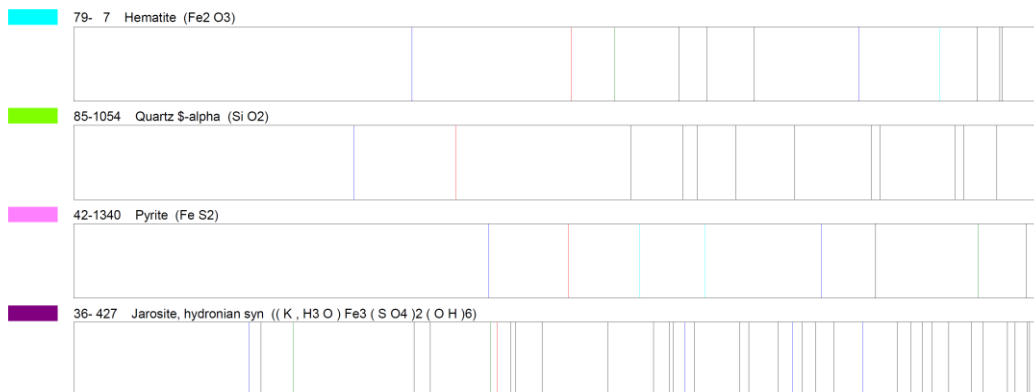
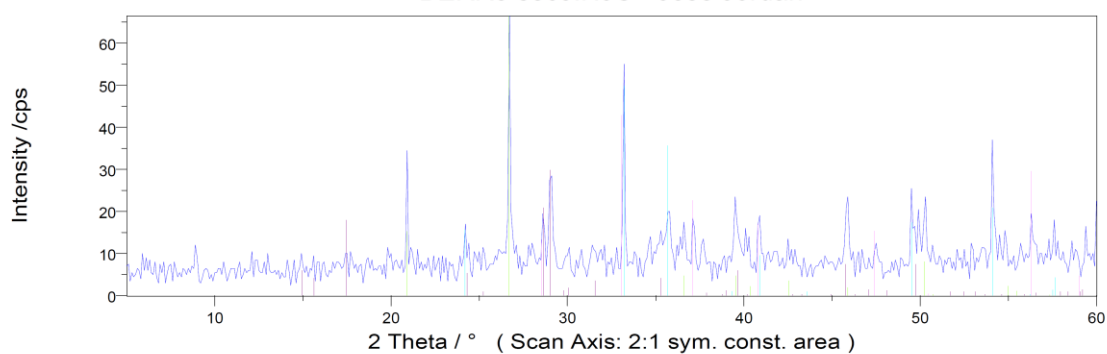
Seifert Analyze

No	d_Fit(A1)	\angle_{Parab}	\angle_{COG}	Limit _{Low}	Limit _{Up}	I _{Net}	I _{Bgr}	FWHM
1	9.9274	8.9005	8.9128	8.7000	9.1000	21.53	0.00	0.2404
2	4.2474	20.8975	20.9129	20.8000	21.0000	22.90	0.00	0.1487
3	3.3360	26.7010	26.7154	26.6000	27.0000	80.96	0.00	0.1674
4	3.1078	28.7021	28.6910	28.5000	28.9000	18.52	0.00	0.4046
5	3.0673	29.0890	29.0677	28.9000	29.3000	24.33	0.00	0.3406
6	2.6963	33.2000	33.1941	33.0000	33.4000	21.14	0.00	0.3019
7	2.6963	33.2000	33.1941	33.0000	33.4000	21.14	0.00	0.3019
8	2.5132	35.6977	35.7168	35.5000	35.9000	31.81	0.00	0.2353
9	2.4525	36.6107	36.6171	36.4000	36.8000	20.51	0.00	0.3461
10	2.2793	39.5037	39.5171	39.4000	40.0000	20.26	0.00	0.3781
11	2.2075	40.8450	40.8599	40.7000	41.1000	8.55	0.00	0.3539
12	2.2075	40.8450	40.8599	40.7000	41.1000	8.55	0.00	0.3539
13	1.9787	45.8207	45.8434	45.6000	46.2000	8.52	0.00	0.5723
14	1.9787	45.8207	45.8434	45.6000	46.2000	8.52	0.00	0.5723
15	1.9118	47.5207	47.5139	47.4000	47.8000	14.94	0.00	0.4745
16	1.8160	50.1981	50.2132	50.1000	50.3000	23.99	0.00	0.1653
17	1.6938	54.0994	54.1125	53.9000	54.6000	29.25	0.00	0.4830
18	1.6327	56.3016	56.3139	56.2000	56.6000	15.66	0.00	0.2677
19	1.6327	56.3016	56.3139	56.2000	56.6000	15.66	0.00	0.2677

Feb-21-2017 08:36

3

BERR3 seco.NJC - Jose Jordan

Feb-24-2017 09:39
Seifert Analyze

Search/Match Report

Seifert Analyze

Job: BERR3 seco.NJC - Jose Jordan
 Scan Axis: 2:1 sym. const. area 5.000° ... 60.000°; 0.100° 2.0s
 Radiation: Cu = 0.15405980nm
 Database: PDF2 Release 1999 in directory c:\power diffraction file\pdf2
 Number of PDF phases : 124564

Results:
 Peaks: 23 matched: 22
 Phases: 82 accepted: 4

36- 427 Jarosite, hydronian syn	FOM=1.608 SOM=19.566
79- 7 Hematite	FOM=0.178 SOM=2.449
85-1054 Quartz α	FOM=0.209 SOM=3.367
42-1340 Pyrite	FOM=0.893 SOM=2.950

Settings:
 Method: 1 Strongest Lines
 Deleted Phases: not used
 Long Search
 Error Window: $0.1^\circ \cdot (1 + \sin(\Theta))$
 Theta Shift: 0.000°
 Max Proposals: 500
 rel. Intensity Level: 60%
 Intensity Threshold: 0%
 Database: Set 1-49 with Subfile selection
 Mineral File
 Zeolites

Feb-24-2017 09:39

2

Seifert Analyze

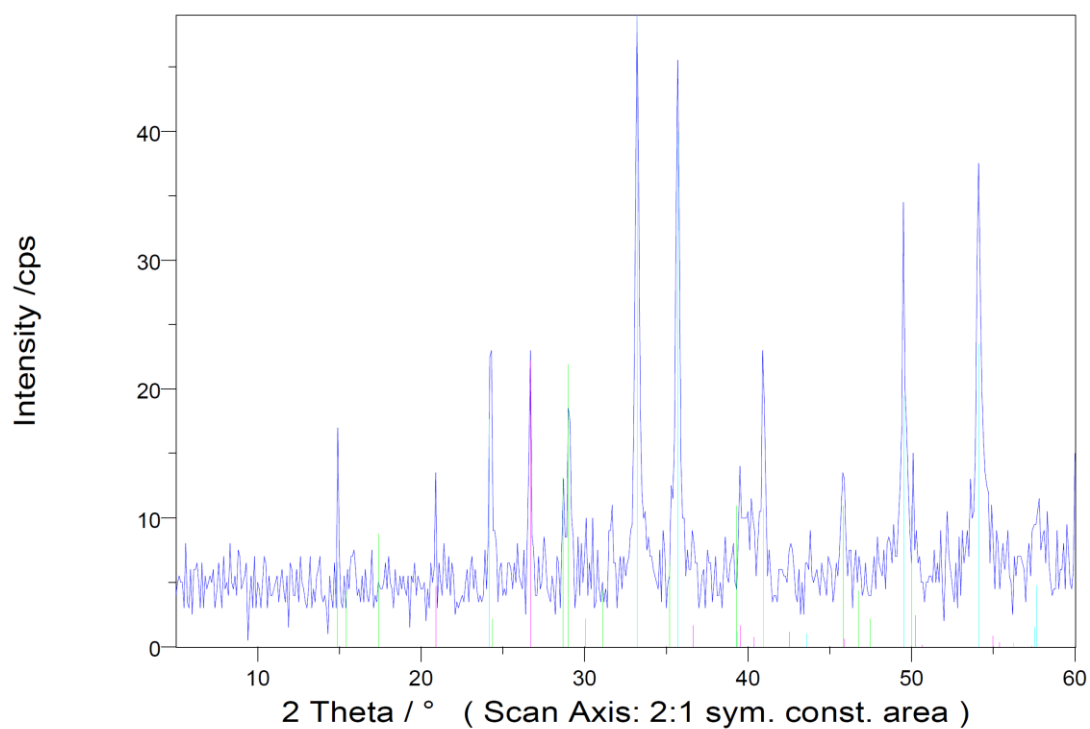
Seifert Analyze

No	d_Fit(A1)	\angle_{Parab}	\angle_{COG}	Limit _{Low}	Limit _{Up}	I _{Net}	I _{Bgr}	FWHM
1	4.2474	20.8976	20.9126	20.8000	21.0000	32.00	0.00	0.1358
2	3.6757	24.1938	24.2125	24.0000	24.5000	7.65	0.00	0.4423
3	3.6757	24.1938	24.2125	24.0000	24.5000	7.65	0.00	0.4423
4	3.3362	26.6991	26.7127	26.5000	26.9000	64.69	0.00	0.1439
5	3.1185	28.6015	28.6152	28.5000	28.8000	8.94	0.00	0.2718
6	3.1185	28.6015	28.6152	28.5000	28.8000	8.94	0.00	0.2718
7	3.0688	29.0744	29.0626	28.8000	29.3000	26.75	0.00	0.2995
8	2.6963	33.1993	33.2124	33.0000	33.3000	26.04	0.00	0.1485
9	2.6963	33.1993	33.2124	33.0000	33.3000	26.04	0.00	0.1485
10	2.5128	35.7028	35.7600	34.8000	36.1000	19.57	0.00	1.1095
11	2.4534	36.5969	36.6143	36.1000	37.0000	16.07	0.00	0.8127
12	2.4200	37.1203	37.1384	37.0000	37.3000	17.13	0.00	0.2894
13	2.2794	39.5028	39.5138	39.3000	40.0000	22.19	0.00	0.4927
14	2.2050	40.8939	40.8797	40.7000	41.2000	8.83	0.00	0.3989
15	2.2050	40.8939	40.8797	40.7000	41.2000	8.83	0.00	0.3989
16	1.9767	45.8700	45.8736	45.6000	46.1000	10.52	0.00	0.3694
17	1.9767	45.8700	45.8736	45.6000	46.1000	10.52	0.00	0.3694
18	1.8398	49.5033	49.5171	49.4000	49.8000	23.05	0.00	0.3564
19	1.8259	49.9072	49.9170	49.8000	50.2000	17.62	0.00	2.0743
20	1.8124	50.3030	50.3168	50.0000	50.5000	21.24	0.00	0.3234
21	1.6936	54.1072	54.1150	54.0000	54.4000	34.68	0.00	0.2044
22	1.6327	56.3024	56.3174	56.1000	56.7000	9.00	0.00	0.5667
23	1.6327	56.3024	56.3174	56.1000	56.7000	9.00	0.00	0.5667

Feb-24-2017 09:39

3

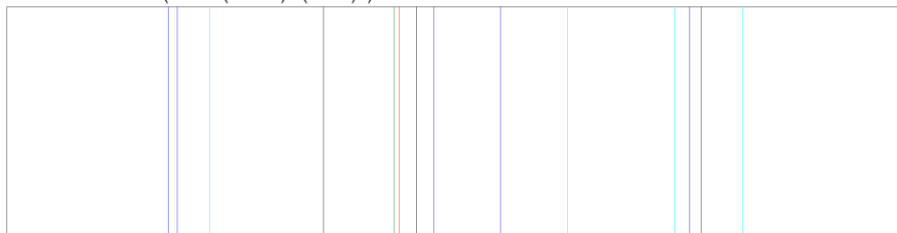
N-Berrocal.NJC - Jose



79- 7 Hematite (Fe₂O₃)



10- 443 Jarosite (K Fe₃ (SO₄)₂ (OH)₆)



86-1628 Quartz low (SiO₂)



Dec-16-2016 12:59

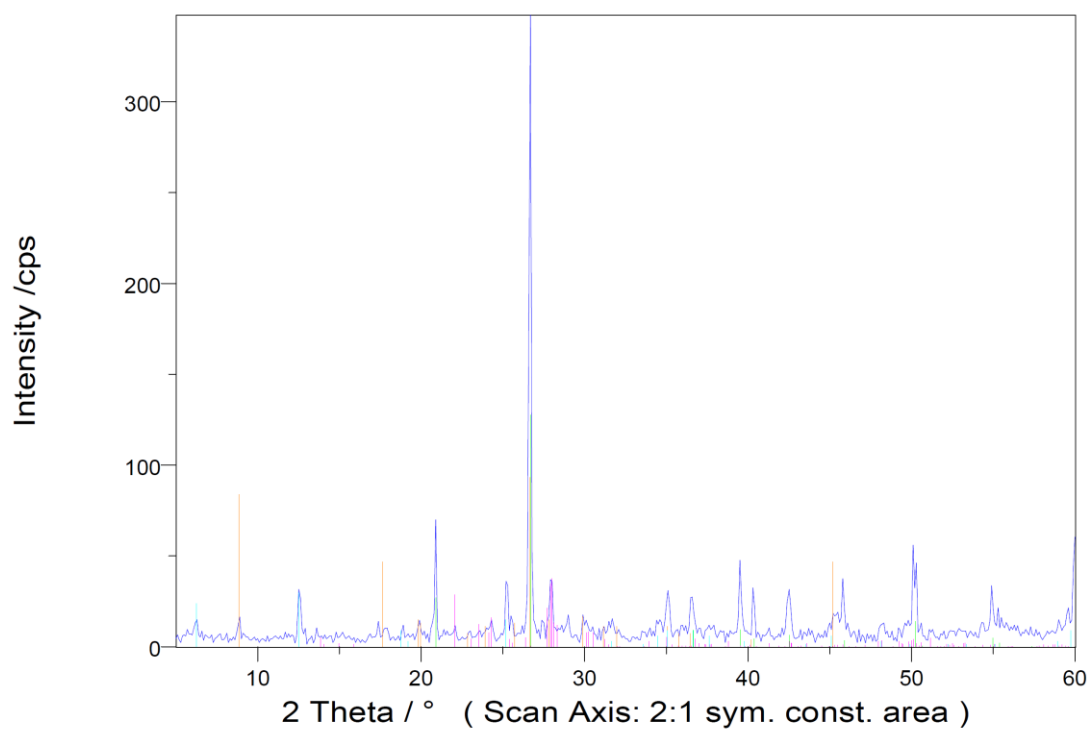
Job: N-Berrocal.NJC - Jose
Scan Axis: 2:1 sym. const. area 5.000° ... 60.000°;0.100° 2.0s
Radiation: Cu = 0.15405980nm
Database: PDF2 Release 1999 in directory c:\users\public\rayflex\pdf2
Number of PDF phases : 124564

Results:
Peaks: 18 matched: 17
Phases: 55 accepted: 3
79- 7 Hematite FOM=0.246 SOM=2.899
86-1628 Quartz low FOM=0.266 SOM=4.157
10- 443 Jarosite FOM=1.281 SOM=3.689

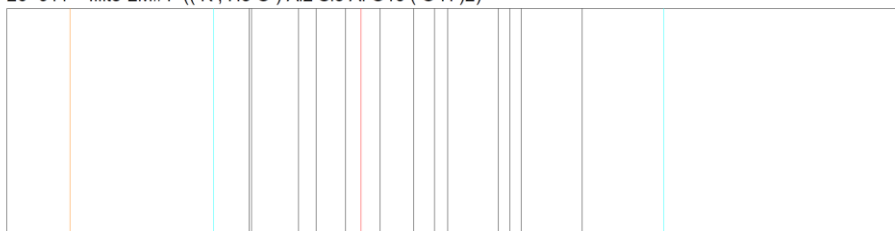
Settings:
Method: 3 Strongest Lines
Deleted Phases: used
Long Search
Error Window: $0.1^\circ \cdot (1 + \sin(\text{Theta}))$
Theta Shift: 0.000°
Max Proposals: 500
rel. Intensity Level: 60%
Intensity Threshold: 0%
Database: Set 1-49 with Subfile selection
Mineral File

No	d_Fit(A1)	\angle_{Parab}	\angle_{COG}	Limit _{Low}	Limit _{Upp}	I _{Net}	I _{Bgr}	FWHM
1	5.9432	14.8942	14.9143	14.8000	15.0000	10.83	0.00	0.1986
2	4.2428	20.9205	20.9106	20.3000	22.1000	13.50	0.00	0.1543
3	3.6629	24.2794	24.2611	24.1000	24.4000	10.30	0.00	0.2779
4	3.6629	24.2794	24.2611	24.1000	24.4000	10.30	0.00	0.2779
5	3.3377	26.6871	26.7083	26.5000	26.8000	17.77	0.00	0.2837
6	3.1062	28.7168	28.7136	28.2000	28.9000	11.82	0.00	0.3568
7	3.0732	29.0323	29.0520	28.9000	29.3000	16.51	0.00	0.5682
8	2.8274	31.6192	31.6369	31.4000	32.0000	9.63	0.00	0.5179
9	2.6961	33.2026	33.1981	32.9000	33.5000	44.50	0.00	0.3511
10	2.5131	35.6978	35.7010	35.4000	36.0000	41.77	0.00	0.3349
11	2.2768	39.5500	39.7015	39.3000	40.5000	12.21	0.00	1.1425
12	2.2033	40.9264	40.9301	40.6000	41.2000	19.51	0.00	0.4644
13	1.9774	45.8528	45.8431	43.4000	49.2000	6.47	0.00	0.5126
14	1.9774	45.8528	45.8431	43.4000	49.2000	6.47	0.00	0.5126
15	1.8393	49.5179	49.5140	49.2000	49.9000	27.02	0.00	0.4551
16	1.8184	50.1270	50.1134	50.0000	52.0000	7.50	0.00	0.1882
17	1.8184	50.1270	50.1134	50.0000	52.0000	7.50	0.00	0.1882
18	1.6936	54.1095	54.0899	53.8000	54.6000	34.97	0.00	0.4458

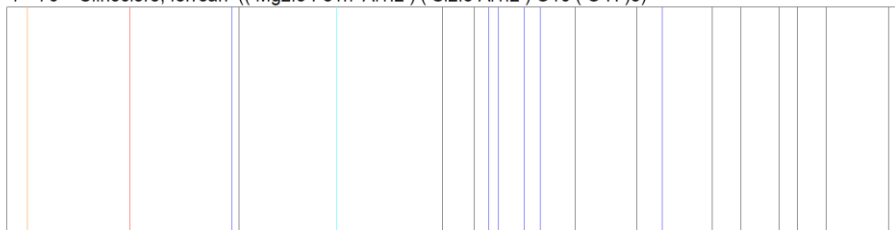
P1 capa exterior.NJC - Jose



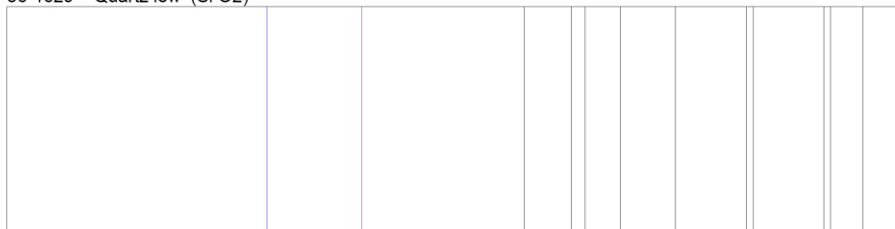
26- 911 Illite-2M#1 ((K , H3 O) Al2 Si3 Al O10 (O H)2)



7- 76 Clinoclore, ferroan ((Mg2.8 Fe1.7 Al1.2) (Si2.8 Al1.2) O10 (O H)8)



86-1629 Quartz low (Si O2)



Jan-20-2017 13:25

Job: P1 capa exterior.NJC - Jose
Scan Axis: 2:1 sym. const. area 5.000° ... 60.000°;0.100° 2.0s
Radiation: Cu = 0.15405980nm
Database: PDF2 Release 1999 in directory c:\users\public\rayflex\pdf2
Number of PDF phases : 124564

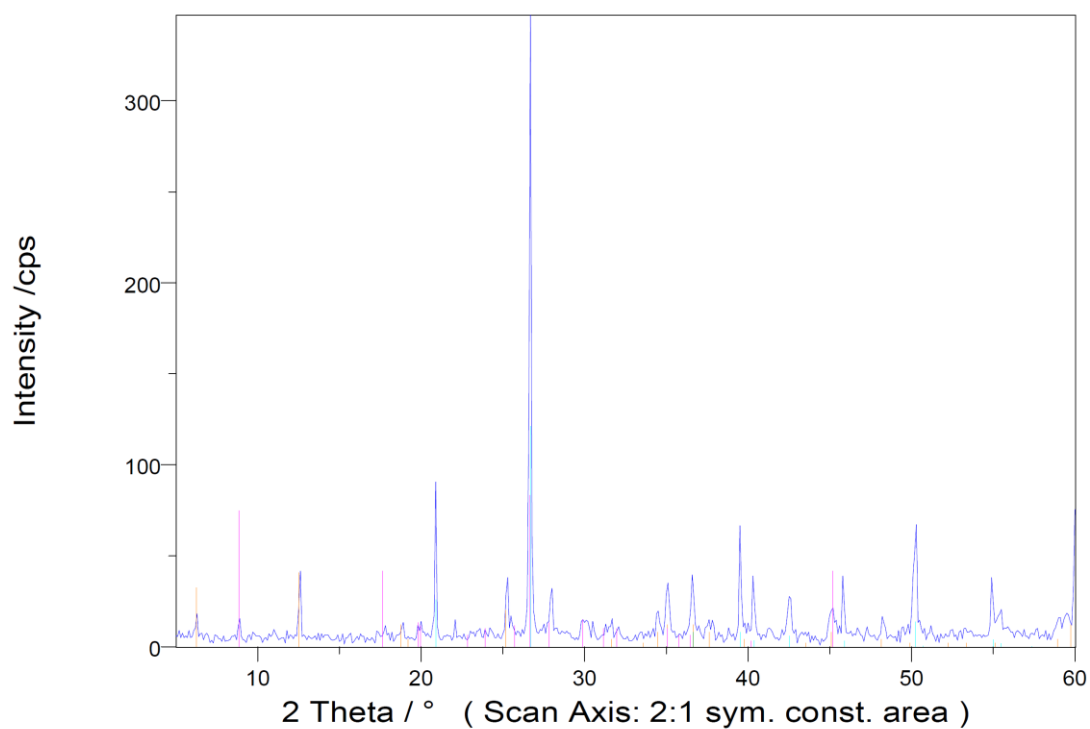
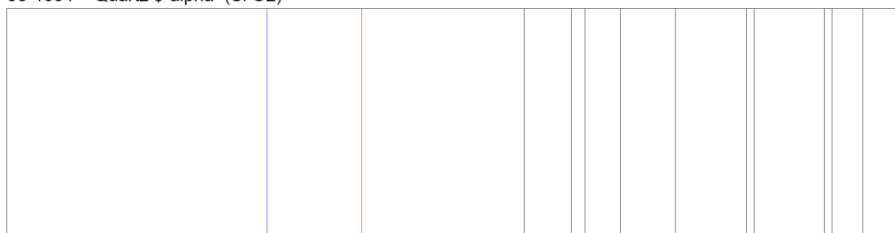
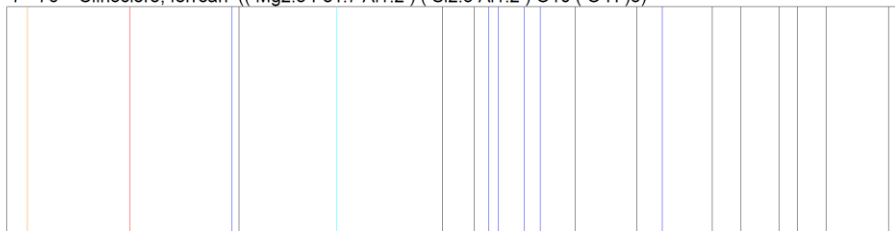
Results:
Peaks: 35 matched: 33
Phases: 75 accepted: 4

	26- 911 Illite-2M#1 FOM=1.264 SOM=6.336
	86-1629 Quartz low FOM=0.130 SOM=2.078
	7- 76 Clinoclore, ferroan FOM=0.925 SOM=10.288
	80-1094 Albite low FOM=1.667 SOM=9.927

Settings:
Method: 3 Strongest Lines
Deleted Phases: used
Long Search
Error Window: $0.1^\circ \cdot (1 + \sin(\Theta))$
Theta Shift: 0.000°
Max Proposals: 500
rel. Intensity Level: 60%
Intensity Threshold: 0%
Database: Set 1-49 with Subfile selection
Mineral File


No	d_Fit(A1)	\angle_{Parab}	\angle_{COG}	Limit _{Low}	Limit _{Upp}	I _{Net}	I _{Bgr}	FWHM
1	14.1504	6.2411	6.2656	6.0000	6.4000	13.29	0.00	0.3942
2	9.9580	8.8731	8.9131	8.7000	9.0000	12.49	0.00	0.2248
3	7.0554	12.5360	12.5377	12.4000	12.7000	26.25	0.00	0.2537
4	4.2497	20.8862	20.9119	20.7000	21.0000	42.80	0.00	0.1767
5	4.0261	22.0606	22.1080	21.1000	22.3000	9.66	0.00	1.1052
6	3.6649	24.2658	24.3167	23.7000	24.5000	13.25	0.00	0.7076
7	3.5279	25.2236	25.2492	25.1000	25.4000	31.41	0.00	0.2507
8	3.3377	26.6866	26.7089	26.5000	26.9000	61.55	0.00	0.2144
9	3.3377	26.6866	26.7089	26.5000	26.9000	61.55	0.00	0.2144
10	3.3377	26.6866	26.7089	26.5000	26.9000	123.09	0.00	0.2144
11	3.2531	27.3943	27.4440	27.3000	27.6000	11.85	0.00	0.2690
12	3.1939	27.9118	27.9539	27.6000	28.1000	17.04	0.00	0.2757
13	3.1939	27.9118	27.9539	27.6000	28.1000	17.04	0.00	0.2757
14	3.0805	28.9614	29.0211	28.7000	29.2000	14.76	0.00	0.3697
15	2.9761	30.0015	29.9967	29.8000	30.4000	7.51	0.00	0.7922
16	2.9761	30.0015	29.9967	29.8000	30.4000	7.51	0.00	0.7922
17	2.5552	35.0906	35.1087	34.8000	35.3000	7.28	0.00	0.3506
18	2.5552	35.0906	35.1087	34.8000	35.3000	7.28	0.00	0.3506
19	2.5552	35.0906	35.1087	34.8000	35.3000	14.56	0.00	0.3506
20	2.4538	36.5921	36.5637	36.4000	36.9000	3.35	0.00	0.3687
21	2.4538	36.5921	36.5637	36.4000	36.9000	3.35	0.00	0.3687
22	2.4538	36.5921	36.5637	36.4000	36.9000	13.40	0.00	0.3687
23	2.2788	39.5131	39.5149	39.3000	39.7000	17.92	0.00	0.2538
24	2.2788	39.5131	39.5149	39.3000	39.7000	17.92	0.00	0.2538
25	2.2355	40.3120	40.3200	40.2000	40.5000	12.39	0.00	0.2352
26	2.2355	40.3120	40.3200	40.2000	40.5000	12.39	0.00	0.2352
27	2.1255	42.4954	42.5094	42.3000	42.7000	14.60	0.00	0.3272
28	2.1255	42.4954	42.5094	42.3000	42.7000	14.60	0.00	0.3272
29	1.9797	45.7974	45.8148	45.1000	46.0000	14.55	0.00	0.3158
30	1.9797	45.7974	45.8148	45.1000	46.0000	14.55	0.00	0.3158
31	1.8143	50.2458	50.1138	50.0000	50.2000	22.16	0.00	0.4489
32	1.8143	50.2458	50.1138	50.0000	50.2000	22.16	0.00	0.4489
33	1.6706	54.9160	54.9156	54.7000	55.2000	13.22	0.00	0.3226
34	1.6706	54.9160	54.9156	54.7000	55.2000	13.22	0.00	0.3226
35	1.6585	55.3500	55.3109	55.1000	56.0000	15.63	0.00	1.3950

P1 interior.NJC - Jose

85-1054 Quartz α -alpha (Si O₂)26- 911 Illite-2M#1 ((K , H₃ O) Al₂ Si₃ Al O₁₀ (O H)₂)7- 76 Clinoclore, ferroan ((Mg_{2.8} Fe_{1.7} Al_{1.2}) (Si_{2.8} Al_{1.2}) O₁₀ (O H)₈)

Jan-20-2017 13:24

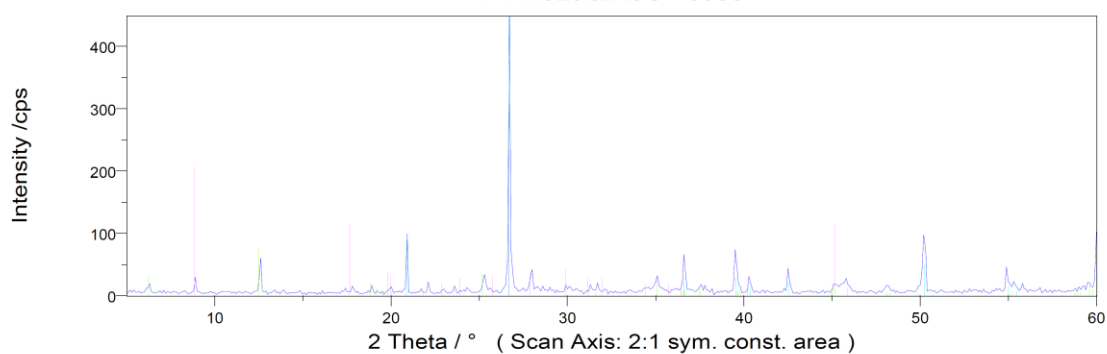
Job: P1 interior.NJC - Jose
Scan Axis: 2:1 sym. const. area 5.000° ... 60.000°; 0.100° 2.0s
Radiation: Cu = 0.15405980nm
Database: PDF2 Release 1999 in directory c:\users\public\rayflex\pdf2
Number of PDF phases : 124564

Results:
Peaks: 27 matched: 24
Phases: 91 accepted: 3

7- 76 Clinoclore, ferroan FOM=1.504 SOM=6.514
85-1054 Quartz β -alpha FOM=0.102 SOM=2.393
26- 911 Illite-2M#1 FOM=0.964 SOM=13.391

Settings:
Method: 3 Strongest Lines
Deleted Phases: used
Long Search
Error Window: $0.1^\circ \cdot (1 + \sin(\Theta))$
Theta Shift: 0.000°
Max Proposals: 500
rel. Intensity Level: 60%
Intensity Threshold: 0%
Database: Set 1-49 with Subfile selection
Mineral File

No	d_Fit(A1)	\angle_{Parab}	\angle_{COG}	Limit _{Low}	Limit _{Upp}	I _{Net}	I _{Bgr}	FWHM
1	9.9416	8.8878	8.9205	8.7000	9.0000	12.53	0.00	0.2599
2	7.0267	12.5873	12.6088	12.4000	12.7000	28.61	0.00	0.2236
3	4.4638	19.8740	20.0093	19.7000	20.3000	11.48	0.00	0.6024
4	4.2483	20.8935	20.9122	20.8000	21.0000	52.37	0.00	0.1689
5	4.0163	22.1147	22.1122	22.0000	22.2000	10.10	0.00	0.1697
6	3.5180	25.2956	25.2980	25.1000	25.4000	29.91	0.00	0.2565
7	3.3369	26.6936	26.7111	26.5000	26.9000	57.07	0.00	0.1918
8	3.3369	26.6936	26.7111	26.5000	26.9000	114.13	0.00	0.1918
9	3.1879	27.9657	27.9817	27.6000	28.1000	26.21	0.00	0.3714
10	2.9791	29.9700	29.9975	29.7000	30.4000	15.46	0.00	0.6340
11	2.9330	30.4521	30.5162	30.4000	30.7000	10.21	0.00	0.3119
12	2.5969	34.5092	34.4730	34.3000	34.8000	18.75	0.00	0.3971
13	2.5555	35.0866	35.0900	34.8000	35.3000	16.39	0.00	0.3283
14	2.5555	35.0866	35.0900	34.8000	35.3000	16.39	0.00	0.3283
15	2.4529	36.6053	36.6155	36.4000	36.8000	8.33	0.00	0.3126
16	2.4529	36.6053	36.6155	36.4000	36.8000	16.65	0.00	0.3126
17	2.3903	37.6000	37.6135	37.3000	38.0000	15.00	0.00	0.6000
18	2.2788	39.5129	39.5145	39.4000	39.7000	44.85	0.00	0.2156
19	2.2351	40.3188	40.3173	40.2000	40.5000	14.47	0.00	0.2565
20	2.2351	40.3188	40.3173	40.2000	40.5000	14.47	0.00	0.2565
21	2.1246	42.5142	42.5515	42.3000	42.7000	26.47	0.00	0.3149
22	2.0074	45.1300	45.1403	44.8000	45.5000	9.81	0.00	0.5938
23	2.0074	45.1300	45.1403	44.8000	45.5000	9.81	0.00	0.5938
24	1.9793	45.8077	45.8165	45.7000	46.0000	27.41	0.00	0.2395
25	1.8845	48.2525	48.2415	48.1000	48.5000	13.85	0.00	0.4142
26	1.8148	50.2308	50.2757	49.9000	50.4000	53.62	0.00	0.3365
27	1.6703	54.9249	54.9177	54.8000	55.1000	29.45	0.00	0.2728

P1 mezcla.NJC - Jose

85-1054 Quartz β -alpha (Si O₂)85-2163 Chamosite ((Mg_{5.036} Fe_{4.964}) Al_{2.724} (Si_{5.70} Al_{2.30} O₂₀) (OH)₁₆)26-911 Illite-2M#1 ((K, H₃O) Al₂ Si₃ Al O₁₀ (OH)₂)Dec-27-2016 14:34
Seifert Analyze

Search/Match Report

Seifert Analyze

Job: P1 mezcla.NJC - Jose
 Scan Axis: 2:1 sym. const. area 5.000° ... 60.000°; 0.100° 2.0s
 Radiation: Cu = 0.15405980nm
 Database: PDF2 Release 1999 in directory c:\power diffraction file\pdf2
 Number of PDF phases : 124564

Results:
 Peaks: 33 matched: 30
 Phases: 117 accepted: 3
 85-1054 Quartz β -alpha FOM=0.174 SOM=1.780
 26-911 Illite-2M#1 FOM=1.267 SOM=7.132
 85-2163 Chamosite FOM=1.614 SOM=5.777

Settings:
 Method: 2 Strongest Lines
 Deleted Phases: not used
 Long Search
 Error Window: 0.1° * (1+sin(Theta))
 Theta Shift: 0.000°
 Max Proposals: 500
 rel. Intensity Level: 60%
 Intensity Threshold: 0%
 Database: Set 1-49 with Subfile selection
 Mineral File
 Zeolites

No	d_Fit(A1)	\angle_{Parab}	\angle_{COG}	Limit _{Low}	Limit _{Upp}	I _{Net}	I _{Bgr}	FWHM
1	14.0325	6.2935	6.3072	6.0000	6.4000	14.47	0.00	0.3651
2	9.9281	8.8998	8.9121	8.8000	9.0000	25.13	0.00	0.1559
3	7.0207	12.5981	12.6108	12.4000	12.7000	53.92	0.00	0.1493
4	4.9799	17.7968	17.8153	17.7000	18.0000	11.64	0.00	0.3653
5	4.6971	18.8777	18.9136	18.8000	19.0000	11.22	0.00	0.2093
6	4.2469	20.9004	20.9122	20.8000	21.0000	46.97	0.00	0.1146
7	4.2469	20.9004	20.9122	20.8000	21.0000	46.97	0.00	0.1146
8	4.0178	22.1067	22.1132	22.0000	22.2000	19.48	0.00	0.1575
9	3.5183	25.2935	25.3199	25.1000	25.5000	28.59	0.00	0.2962
10	3.3361	26.7000	26.7127	26.5000	26.9000	219.27	0.00	0.1195
11	3.3361	26.7000	26.7127	26.5000	26.9000	219.27	0.00	0.1195
12	3.1852	27.9899	28.0145	27.7000	28.1000	36.82	0.00	0.2492
13	2.5560	35.0802	35.1131	34.7000	35.4000	13.30	0.00	0.4613
14	2.5560	35.0802	35.1131	34.7000	35.4000	13.30	0.00	0.4613
15	2.4532	36.5999	36.6145	36.4000	36.8000	29.69	0.00	0.1912
16	2.4532	36.5999	36.6145	36.4000	36.8000	29.69	0.00	0.1912
17	2.3919	37.5733	37.5860	37.3000	37.7000	15.97	0.00	0.3728
18	2.2790	39.5100	39.5195	39.4000	39.7000	32.01	0.00	0.2216
19	2.2790	39.5100	39.5195	39.4000	39.7000	32.01	0.00	0.2216
20	2.2352	40.3165	40.3165	40.2000	40.5000	5.88	0.00	0.2589
21	2.2352	40.3165	40.3165	40.2000	40.5000	5.88	0.00	0.2589
22	2.2352	40.3165	40.3165	40.2000	40.5000	11.75	0.00	0.2589
23	2.1252	42.5027	42.5157	42.4000	42.7000	20.70	0.00	0.1799
24	2.1252	42.5027	42.5157	42.4000	42.7000	20.70	0.00	0.1799
25	2.0074	45.1304	45.1731	43.1000	45.2000	9.50	0.00	0.7433
26	2.0074	45.1304	45.1731	43.1000	45.2000	9.50	0.00	0.7433
27	1.9804	45.7792	45.8086	45.0000	46.1000	24.39	0.00	1.0491
28	1.8158	50.2038	50.2185	50.0000	50.4000	90.04	0.00	0.2260
29	1.6710	54.8997	54.9145	54.8000	55.2000	19.56	0.00	0.2332
30	1.6710	54.8997	54.9145	54.8000	55.2000	19.56	0.00	0.2332
31	1.6594	55.3169	55.3026	55.2000	55.6000	11.50	0.00	0.4262
32	1.6594	55.3169	55.3026	55.2000	55.6000	11.50	0.00	0.4262
33	1.6457	55.8175	55.8135	55.6000	56.1000	15.48	0.00	0.4754

TotalQuant - Summary Report.MpazMartinRedondo

Sample ID: Capa1(4ml)

Sample Date/Time: Wednesday, April 11, 2018 12:54:25

Sample Description:

Solution Type: Sample

Sample File: C:\Users\Public\Documents\PerkinElmer Syngistix\CPMS\Sample\New folder\CristinaMP,Semillas(abril18),DanielCasa,JoseCapa,Solido

Method File: C:\Users\Public\Documents\PerkinElmer Syngistix\CPMS\Method\INTA\TotalQuant.MP.mth

Dataset File: C:\Users\Public\Documents\PerkinElmer Syngistix\CPMS\DataSet\TotalQuant Analysis\Capa1(4ml).036

Response File: C:\Users\Public\Documents\PerkinElmer Syngistix\CPMS\System\totalquant.rsp

Initial Sample Quantity (mg): 234.400

Sample Prep Volume (mL): 100.00

Aliquot Volume (mL): 4.00

Diluted to Volume (mL): 10.00

TotalQuant External Standards

Torch Z Position (mm): 0.00

TotalQuant Internal Standards

Analyte	Blank Intensity	Intensity
Rh	9609053.000	8097984

Report Concentration Unit: ppb

Analyte Intensities

Analyte	Concentration	Intensity	Intensity Comment
H			Not Measured
He			Not Measured
Li	72365.254	61632	
Be	2406.863	637	
B	0.000	0	
C	5036.919	3823	
N	1131805.787	7458	
O			Not Measured
F		27872	
Ne		280	
Na	9405110.633	8533894	
Mg	238016.698	244081	
Al	51274962.211	12788131	
Si	189462930.124	83978657	
P	104212.769	12980	
S	3678208.176	617728	
Cl	72836346.198	1253025	
Ar	659834098173.255	34304804	
K	28896131.509	33104115	
Ca	103076.354	232201	
Sc	3852.188	12527	
Ti	3928021.077	16682744	
V	159043.732	956198	
Cr	81251.728	759865	
Mn	99917.411	550504	
Fe	124203053.242	1135500670	
Co	2470.701	40141	
Ni	0.000	0	
Cu	46053.687	792431	
Zn	36911.363	191363	
Ga	23568.661	153608	
Ge	3035.055	12519	
As	49192.783	41578	

Report Date/Time: Thursday, April 12, 2018 09:21:21

Page 1

Sample ID: Capa1(4ml)

Se	521.676	400
Br	0.000	0
Kr	0.000	0
Rb	77923.377	701341
Sr	16205.436	166818
Y	217.167	3710
Zr	178915.003	3098582
Nb	17730.316	384093
Mo	1314.165	36223
Ru	0.070	3
Rh	0.000	0
Pd	0.569	20
Ag	1049.824	35708
Cd	0.000	0
In	74.676	2151
Sn	4336.390	115625
Sb	5465.458	56535
Te	21.995	123
I	22689.979	40090
Xe	0.000	0
Cs	4992.743	169131
Ba	320261.504	13158576
La	402.767	24232
Ce	1105.922	78871
Pr	144.428	10009
Nd	557.979	38257
Sm	125.564	9316
Eu	38.456	3006
Gd	92.785	9661
Tb	17.212	1793
Dy	77.441	8140
Ho	20.596	2359
Er	59.457	6628
Tm	14.470	1854
Yb	79.197	9939
Lu	17.215	1689
Hf	4594.262	401575
Ta	1829.910	138742
W	3675.221	239969
Re	2.485	172
Os	0.000	0
Ir	0.000	0
Pt	15.850	609
Au	0.040	1
Hg	0.000	0
Tl	800.618	66858
Pb	52753.981	4369149
Bi	706.336	45320
Th	869.135	76263
U	8401.528	173480

TotalQuant Equations

Analyte Equation

Ca 740.74*mass 43

Ti 13.44*mass 47

Se 11.455*mass 82

Fe 47.17*mass 57

Report Date/Time: Thursday, April 12, 2018 09:21:21

Page 2

Sample ID: Capa1(4ml)

TotalQuant - Summary Report.MpazMartinRedondo

Sample ID: Capa4(4ml)

Sample Date/Time: Wednesday, April 11, 2018 12:58:36

Sample Description:

Solution Type: Sample

Sample File: C:\Users\Public\Documents\PerkinElmer Syngistix\CPMS\Sample\New folder\CristinaMP,Semillas(abril18),DanielCasa,JoseCapa,SolidoA

Method File: C:\Users\Public\Documents\PerkinElmer Syngistix\CPMS\Method\INTA\TotalQuant.MP.mth

Dataset File: C:\Users\Public\Documents\PerkinElmer Syngistix\CPMS\DataSet\TotalQuant Analysis\Capa4(4ml).037

Response File: C:\Users\Public\Documents\PerkinElmer Syngistix\CPMS\System\totalquant.rsp

Initial Sample Quantity (mg): 244.400

Sample Prep Volume (mL): 100.00

Aliquot Volume (mL): 4.00

Diluted to Volume (mL): 10.00

TotalQuant External Standards

Torch Z Position (mm): 0.00

TotalQuant Internal Standards

Analyte	Blank Intensity	Intensity
Rh	9609053.000	7538871

Report Concentration Unit: ppb

Analyte Intensities

Analyte	Concentration	Intensity	Intensity Comment
H			Not Measured
He			Not Measured
Li	111775.422	99258	
Be	2774.645	765	
B	0.000	0	
C	0.000	0	
N	2053010.190	14106	
O			Not Measured
F		46256	
Ne		257	
Na	10697127.867	10120317	
Mg	575593.626	615439	
Al	76265600.891	19832343	
Si	183997923.415	85035680	
P	123780.232	16074	
S	6047800.160	1059014	
Cl	53623419.731	961855	
Ar	1244653048809.526	67470213	
K	35016365.726	41827022	
Ca	127653.829	299835	
Sc	6972.110	23639	
Ti	3996426.352	17697385	
V	173508.284	1087665	
Cr	86616.006	844590	
Mn	79865.786	458800	
Fe	97097672.636	925566308	
Co	5387.034	91255	
Ni	0.000	0	
Cu	44871.132	805022	
Zn	78864.267	426306	
Ga	21933.436	149049	
Ge	2646.322	11381	
As	149077.160	131374	

Report Date/Time: Thursday, April 12, 2018 09:12:10

Page 1

Sample ID: Capa4(4ml)

Se	1708.737	1364
Br	0.000	0
Kr	0.000	0
Rb	79321.837	744385
Sr	17886.258	191975
Y	273.563	4873
Zr	185264.290	3345427
Nb	17783.514	401681
Mo	5163.138	148385
Ru	0.000	0
Rh	0.000	0
Pd	2.776	98
Ag	183.054	6492
Cd	16.832	392
In	55.265	1660
Sn	4385.829	121932
Sb	4967.964	53581
Te	657.463	3805
I	15566.603	28677
Xe	16.478	9
Cs	3179.380	112298
Ba	279338.375	11966809
La	609.298	38221
Ce	1911.955	142172
Pr	226.290	16351
Nd	912.414	65227
Sm	194.034	15009
Eu	47.713	3889
Gd	140.700	15275
Tb	17.460	1896
Dy	118.033	12936
Ho	23.548	2812
Er	85.556	9944
Tm	14.918	1993
Yb	129.588	16957
Lu	19.242	1969
Hf	4877.020	444477
Ta	1923.028	152023
W	3864.619	263100
Re	5.477	395
Os	0.000	0
Ir	1.675	100
Pt	19.743	791
Au	0.000	0
Hg	0.000	0
Tl	891.630	77635
Pb	33210.296	2867860
Bi	391.777	26210
Th	1883.158	172288
U	3462.144	74539

TotalQuant Equations

Analyte	Equation
Ca	740.74*mass 43
Ti	13.44*mass 47
Se	11.455*mass 82
Fe	47.17*mass 57

Report Date/Time: Thursday, April 12, 2018 09:12:10

Page 2

Sample ID: Capa4(4ml)

TotalQuant - Summary Report.MpazMartinRedondo

Sample ID: 3A-lz-lz(3ml)

Sample Date/Time: Wednesday, October 03, 2018 11:10:20

Sample Description:

Solution Type: Sample

Sample File: C:\Users\Public\Documents\PerkinElmer Syngistix\CPMS\Sample\RTJose(septiembre18)yMiriamAgua.sam

Method File: C:\Users\Public\Documents\PerkinElmer Syngistix\CPMS\Method\INTA\TotalQuant.MP(+Silicio(fallo)).mth

Dataset File: C:\Users\Public\Documents\PerkinElmer Syngistix\CPMS\DataSet\TotalQuant Analysis\3A-lz-lz(3ml).090

Response File: C:\Users\Public\Documents\PerkinElmer Syngistix\CPMS\System\totalquant.rsp

Initial Sample Quantity (mg): 234.000

Sample Prep Volume (mL): 100.00

Aliquot Volume (mL): 3.00

Diluted to Volume (mL): 10.00

TotalQuant External Standards

Torch Z Position (mm): 0.00

TotalQuant Internal Standards

Analyte	Blank Intensity	Intensity
Rh	232783.000	256281

Report Concentration Unit: ppb

Analyte Intensities

Analyte	Concentration	Intensity	Intensity Comment
H			Not Measured
He			Not Measured
Li	9469.247	4850	
Be	174.345	37	
B	6333.626	460	
C	346545.364	4458	
N	112921828.857	11488	
O			Not Measured
F		0	
Ne		0	
Na	790610.711	749521	
Mg	71898.444	39045	
Al	11395558.296	2529965	
Si	1688842.848	36752599	
P	549.782	1797	
S	0.000	0	
Cl	0.000	0	
Ar	0.000	0	
K	5562101.825	3383176	
Ca	93533.145	114793	
Sc	1606.117	2987	
Ti	388074.762	990462	
V	20534.043	76158	
Cr	7030.445	40378	
Mn	53245.189	162935	
Fe	56660731.280	301567013	
Co	1712.760	17033	
Ni	0.000	0	
Cu	40665.128	413160	
Zn	17362.069	57413	
Ga	9743.948	32918	
Ge	1183.746	2795	
As	248314.827	127088	

Report Date/Time: Wednesday, October 03, 2018 12:36:09

Page 1

Sample ID: 3A-lz-lz(3ml)

Se	2124.185	888
Br	0.000	0
Kr	0.000	0
Rb	12740.573	54126
Sr	11032.281	52989
Y	1981.144	16471
Zr	228440.582	2000808
Nb	5376.874	60564
Mo	23116.528	339214
Ru	0.435	8
Rh	0.000	0
Pd	6.424	109
Ag	6057.146	101667
Cd	0.000	0
In	178.415	2582
Sn	16573.953	218233
Sb	21846.448	109668
Te	835.890	2215
I	318011.520	256137
Xe	0.000	0
Cs	681.514	10244
Ba	656425.258	12122247
La	718.397	19224
Ce	1402.101	44605
Pr	129.771	3914
Nd	584.568	18188
Sm	137.017	4936
Eu	23.949	856
Gd	223.375	11160
Tb	24.711	1186
Dy	386.903	17230
Ho	66.540	3472
Er	299.514	15687
Tm	32.960	1910
Yb	369.998	22281
Lu	41.145	1844
Hf	6948.692	284340
Ta	623.266	22698
W	6303.219	202973
Re	0.680	24
Os	0.000	0
Ir	0.000	0
Pt	19.341	411
Au	192.397	1542
Hg	1165.448	10254
Tl	7083.768	359902
Pb	293651.743	14493230
Bi	9717.104	378826
Th	238.530	9574
U	10676.293	94440

TotalQuant Equations

Analyte	Equation
Ca	740.74*mass 43
Ti	13.44*mass 47
Se	11.455*mass 82
Fe	47.17*mass 57

Report Date/Time: Wednesday, October 03, 2018 12:36:09

Page 2

Sample ID: 3A-lz-lz(3ml)

TotalQuant - Summary Report.MpazMartinRedondo

Sample ID: BERR1(3ml)

Sample Date/Time: Wednesday, October 03, 2018 11:18:41

Sample Description:

Solution Type: Sample

Sample File: C:\Users\Public\Documents\PerkinElmer Syngistix\CPMS\Sample\RTJose(septiembre18)yMiriamAgua.sam

Method File: C:\Users\Public\Documents\PerkinElmer Syngistix\CPMS\Method\INTA\TotalQuant.MP(+Silicio(fallo)).mth

Dataset File: C:\Users\Public\Documents\PerkinElmer Syngistix\CPMS\DataSet\TotalQuant Analysis\BERR1(3ml).092

Response File: C:\Users\Public\Documents\PerkinElmer Syngistix\CPMS\System\totalquant.rsp

Initial Sample Quantity (mg): 225.800

Sample Prep Volume (mL): 100.00

Aliquot Volume (mL): 3.00

Diluted to Volume (mL): 10.00

TotalQuant External Standards

Torch Z Position (mm): 0.00

TotalQuant Internal Standards

Analyte	Blank Intensity	Intensity
Rh	232783.000	272902

Report Concentration Unit: ppb

Analyte Intensities

Analyte	Concentration	Intensity	Intensity Comment
H			Not Measured
He			Not Measured
Li	28407.888	14040	
Be	768.821	156	
B	34585.806	2419	
C	0.000	0	
N	121713062.659	11949	
O			Not Measured
F		0	
Ne		0	
Na	1826879.673	1671241	
Mg	316449.714	165828	
Al	8564810.632	1834868	
Si	482345.331	10128963	
P	3661.463	11544	
S	420716.256	1057478	
Cl	0.000	0	
Ar	0.000	0	
K	9470315.263	5558507	
Ca	215011.194	254634	
Sc	1616.918	2902	
Ti	1185415.551	2919449	
V	67663.332	242160	
Cr	41034.643	227416	
Mn	197817.433	584124	
Fe	228645868.944	117428378	
Co	16234.250	155785	
Ni	0.000	0	
Cu	678628.957	6653281	
Zn	676342.516	2158140	
Ga	11238.549	36637	
Ge	2878.725	6559	
As	5244792.148	2590217	

Report Date/Time: Wednesday, October 03, 2018 12:36:12

Page 1

Sample ID: BERR1(3ml)

Se	41717.141	16811
Br	2828.614	377
Kr	0.000	0
Rb	21063.377	86348
Sr	22278.282	103254
Y	237.205	1903
Zr	119655.493	1011283
Nb	7702.929	83723
Mo	33473.125	473975
Ru	1.331	24
Rh	0.000	0
Pd	4.689	77
Ag	89021.100	1441824
Cd	2528.679	27874
In	2602.208	36338
Sn	278435.219	3537731
Sb	860512.859	4168326
Te	261.161	668
I	70854.341	55069
Xe	0.000	0
Cs	2147.678	31151
Ba	2004397.518	35718217
La	288.994	7463
Ce	773.347	23741
Pr	63.526	1849
Nd	339.487	10193
Sm	83.961	2919
Eu	35.452	1222
Gd	40.133	1935
Tb	0.000	0
Dy	45.050	1936
Ho	0.000	0
Er	25.933	1311
Tm	0.000	0
Yb	43.186	2510
Lu	0.000	0
Hf	3156.954	124656
Ta	796.396	27986
W	6527.207	202820
Re	56.944	1924
Os	0.000	0
Ir	0.000	0
Pt	12.210	251
Au	1335.669	10330
Hg	37460.473	318036
Tl	25194.386	1235182
Pb	9242319.078	440171204
Bi	190367.052	7161471
Th	0.000	0
U	11839.645	101061

TotalQuant Equations

Analyte Equation

Ca 740.74*mass 43

Ti 13.44*mass 47

Se 11.455*mass 82

Fe 47.17*mass 57

Report Date/Time: Wednesday, October 03, 2018 12:36:12

Page 2

Sample ID: BERR1(3ml)

TotalQuant - Summary Report.MpazMartinRedondo

Sample ID: BERR2(3ml)

Sample Date/Time: Wednesday, October 03, 2018 11:22:52

Sample Description:

Solution Type: Sample

Sample File: C:\Users\Public\Documents\PerkinElmer Syngistix\ICPMS\Sample\RTJose(septiembre18)yMiriamAgua.sam

Method File: C:\Users\Public\Documents\PerkinElmer Syngistix\ICPMS\Method\INTA\TotalQuant.MP(+Silicio(fallo)).mth

Dataset File: C:\Users\Public\Documents\PerkinElmer Syngistix\ICPMS\DataSet\TotalQuant Analysis\BERR2(3ml).093

Response File: C:\Users\Public\Documents\PerkinElmer Syngistix\ICPMS\System\totalquant.rsp

Initial Sample Quantity (mg): 259.000

Sample Prep Volume (mL): 100.00

Aliquot Volume (mL): 3.00

Diluted to Volume (mL): 10.00

TotalQuant External Standards

Torch Z Position (mm): 0.00

TotalQuant Internal Standards

Analyte	Blank Intensity	Intensity
Rh	232783.000	271955

Report Concentration Unit: ppb

Analyte Intensities

Analyte	Concentration	Intensity	Intensity Comment
H			Not Measured
He			Not Measured
Li	20009.612	11344	
Be	635.991	148	
B	25679.637	2061	
C	420163.249	5982	
N	0.000	0	
O			Not Measured
F		0	
Ne		0	
Na	1505778.139	1580032	
Mg	323471.627	194431	
Al	10102509.179	2482516	
Si	430378.071	10366517	
P	2226.841	8053	
S	338190.462	975032	
Cl	0.000	0	
Ar	0.000	0	
K	7306336.834	4918914	
Ca	287796.119	390945	
Sc	1867.351	3844	
Ti	831004.663	2347522	
V	55895.825	229459	
Cr	29071.288	184804	
Mn	142730.195	483429	
Fe	205282689.755	1209310699	
Co	12511.387	137713	
Ni	0.000	0	
Cu	508495.222	5718291	
Zn	473521.242	1733118	
Ga	8258.989	30882	
Ge	2204.311	5761	
As	3798125.717	2151558	

Report Date/Time: Wednesday, October 03, 2018 12:36:14

Page 1

Sample ID: BERR2(3ml)

Se	31619.463	14615
Br	4034.525	617
Kr	0.000	0
Rb	19748.098	92859
Sr	21771.423	115741
Y	441.954	4067
Zr	90121.297	873662
Nb	5731.980	71461
Mo	25392.916	412427
Ru	0.000	0
Rh	0.000	0
Pd	6.153	116
Ag	60494.175	1123851
Cd	1797.910	22733
In	1866.247	29893
Sn	185694.679	2706300
Sb	629145.116	3495674
Te	210.330	617
I	65744.288	58610
Xe	0.000	0
Cs	1542.944	25670
Ba	1654040.725	33808659
La	977.869	28963
Ce	2613.413	92022
Pr	296.688	9904
Nd	1343.868	46279
Sm	295.617	11788
Eu	61.981	2451
Gd	191.150	10570
Tb	3.671	195
Dy	133.619	6587
Ho	4.640	268
Er	70.432	4083
Tm	0.000	0
Yb	105.301	7019
Lu	0.000	0
Hf	2167.409	98166
Ta	607.586	24491
W	4695.121	167343
Re	36.114	1400
Os	0.000	0
Ir	0.074	3
Pt	8.888	209
Au	883.843	7841
Hg	25379.131	247147
Tl	17908.003	1007048
Pb	6496289.612	354880286
Bi	129878.650	5604334
Th	0.000	0
U	0.000	0

TotalQuant Equations

Analyte Equation

Ca 740.74*mass 43
Ti 13.44*mass 47
Se 11.455*mass 82
Fe 47.17*mass 57

Report Date/Time: Wednesday, October 03, 2018 12:36:14

Page 2

Sample ID: BERR2(3ml)

TotalQuant - Summary Report.MpazMartinRedondo

Sample ID: BERR3(3ml)

Sample Date/Time: Wednesday, October 03, 2018 11:27:04

Sample Description:

Solution Type: Sample

Sample File: C:\Users\Public\Documents\PerkinElmer Syngistix\CPMS\Sample\RTJose(septiembre18)yMiriamAgua.sam

Method File: C:\Users\Public\Documents\PerkinElmer Syngistix\CPMS\Method\INTA\TotalQuant.MP(+Silicio(fallo)).mth

Dataset File: C:\Users\Public\Documents\PerkinElmer Syngistix\CPMS\DataSet\TotalQuant Analysis\BERR3(3ml).094

Response File: C:\Users\Public\Documents\PerkinElmer Syngistix\CPMS\System\totalquant.rsp

Initial Sample Quantity (mg): 235.900

Sample Prep Volume (mL): 100.00

Aliquot Volume (mL): 3.00

Diluted to Volume (mL): 10.00

TotalQuant External Standards

Torch Z Position (mm): 0.00

TotalQuant Internal Standards

Analyte	Blank Intensity	Intensity
Rh	232783.000	254547

Report Concentration Unit: ppb

Analyte Intensities

Analyte	Concentration	Intensity	Intensity Comment
H			Not Measured
He			Not Measured
Li	16625.210	8584	
Be	541.607	115	
B	23952.594	1751	
C	965987.421	12526	
N	0.000	0	
O			Not Measured
F		0	
Ne		0	
Na	1310636.833	1252609	
Mg	245081.386	134174	
Al	9049587.788	2025442	
Si	363684.413	7978764	
P	2018.810	6650	
S	306808.736	805663	
Cl	0.000	0	
Ar	0.000	0	
K	6501394.619	3986615	
Ca	223237.055	276201	
Sc	1186.535	2225	
Ti	706612.117	1818090	
V	48012.962	179520	
Cr	23788.357	137733	
Mn	131897.639	406895	
Fe	213660847.353	1146406630	
Co	12345.245	123765	
Ni	0.000	0	
Cu	441978.794	4526984	
Zn	434906.726	1449817	
Ga	7113.942	24228	
Ge	1824.954	4344	
As	3277570.024	1691079	

Report Date/Time: Wednesday, October 03, 2018 12:36:16

Page 1

Sample ID: BERR3(3ml)

Se	28457.892	11981
Br	2277.760	318
Kr	0.000	0
Rb	20077.617	85988
Sr	20642.828	99954
Y	645.241	5408
Zr	76479.766	675291
Nb	4736.121	53779
Mo	22149.643	327665
Ru	0.000	0
Rh	0.000	0
Pd	5.614	96
Ag	51275.327	867625
Cd	1261.825	14532
In	2110.182	30785
Sn	158605.318	2105341
Sb	512801.194	2595119
Te	182.149	487
I	71937.951	58412
Xe	0.000	0
Cs	1448.876	21956
Ba	1677316.635	31226620
La	1099.283	29656
Ce	3014.011	96663
Pr	319.098	9702
Nd	1294.666	40609
Sm	321.182	11665
Eu	64.941	2339
Gd	178.613	8996
Tb	0.585	29
Dy	155.003	6959
Ho	7.414	390
Er	92.789	4900
Tm	0.000	0
Yb	127.331	7730
Lu	1.677	76
Hf	1960.781	80887
Ta	521.567	19148
W	4387.025	142416
Re	45.626	1611
Os	0.000	0
Ir	0.000	0
Pt	6.682	144
Au	762.261	6159
Hg	22052.759	195601
Tl	18104.844	927312
Pb	6048176.205	300932510
Bi	113099.064	4445017
Th	0.000	0
U	2998.561	26740

TotalQuant Equations

Analyte Equation

Ca	740.74*mass 43
Ti	13.44*mass 47
Se	11.455*mass 82
Fe	47.17*mass 57

Report Date/Time: Wednesday, October 03, 2018 12:36:16

Page 2

Sample ID: BERR3(3ml)

TotalQuant - Summary Report.MpazMartinRedondo

Sample ID: N-Berrocal(3ml)

Sample Date/Time: Wednesday, October 03, 2018 11:01:59

Sample Description:

Solution Type: Sample

Sample File: C:\Users\Public\Documents\PerkinElmer Syngistix\CPMS\Sample\RTJose(septiembre18)yMiriamAgua.sam

Method File: C:\Users\Public\Documents\PerkinElmer Syngistix\CPMS\Method\INTA\TotalQuant.MP(+Silicio(fallo)).mth

Dataset File: C:\Users\Public\Documents\PerkinElmer Syngistix\CPMS\DataSet\TotalQuant Analysis\N-Berrocal(3ml).088

Response File: C:\Users\Public\Documents\PerkinElmer Syngistix\CPMS\System\totalquant.rsp

Initial Sample Quantity (mg): 244.400

Sample Prep Volume (mL): 100.00

Aliquot Volume (mL): 3.00

Diluted to Volume (mL): 10.00

TotalQuant External Standards

Torch Z Position (mm): 0.00

TotalQuant Internal Standards

Analyte	Blank Intensity	Intensity
Rh	232783.000	216602

Report Concentration Unit: ppb

Analyte Intensities

Analyte	Concentration	Intensity	Intensity Comment
H			Not Measured
He			Not Measured
Li	1086.571	582	
Be	453.554	100	
B	175.535	14	
C	134226.823	1804	
N	0.000	0	
O			Not Measured
F		0	
Ne		0	
Na	682424.299	675711	
Mg	77717.775	44081	
Al	3794748.859	879929	
Si	217685.826	4947825	
P	4743.359	16187	
S	0.000	0	
Cl	0.000	0	
Ar	0.000	0	
K	1365917.803	867752	
Ca	206503.636	264704	
Sc	1145.739	2226	
Ti	329296.664	877799	
V	59670.817	231147	
Cr	21205.743	127204	
Mn	196763.904	628874	
Fe	505078391.496	2807668256	
Co	1067.404	11087	
Ni	0.000	0	
Cu	361808.121	3839362	
Zn	94540.290	326518	
Ga	10739.367	37893	
Ge	3446.844	8501	
As	13142788.999	7025424	

Report Date/Time: Wednesday, October 03, 2018 12:36:05

Page 1

Sample ID: N-Berrocal(3ml)

Se	151722.631	66175
Br	320.971	47
Kr	0.000	0
Rb	4965.477	22033
Sr	33449.471	167800
Y	2521.556	21896
Zr	44155.431	403926
Nb	2220.611	26124
Mo	50363.691	771887
Ru	0.038	1
Rh	0.000	0
Pd	15.919	283
Ag	84877.913	1487960
Cd	0.000	0
In	2503.327	37837
Sn	124149.484	1707352
Sb	1069662.390	5608261
Te	156.409	433
I	157934.561	132860
Xe	0.000	0
Cs	67.593	1062
Ba	2665603.459	51413683
La	5937.506	165947
Ce	9528.996	316616
Pr	843.295	26564
Nd	2496.266	81119
Sm	334.052	12569
Eu	146.564	5468
Gd	353.862	18464
Tb	50.492	2530
Dy	419.903	19531
Ho	84.162	4586
Er	296.690	16229
Tm	44.040	2666
Yb	393.175	24729
Lu	61.705	2888
Hf	1128.681	48239
Ta	206.938	7871
W	22114.750	743776
Re	0.852	32
Os	0.363	14
Ir	0.837	27
Pt	6.979	155
Au	5014.295	41972
Hg	7769.930	71400
Tl	6677.369	354332
Pb	21887825.583	1128289515
Bi	641737.595	26130346
Th	1047.985	43931
U	4285.678	39595

TotalQuant Equations

Analyte Equation

Ca	740.74*mass 43
Ti	13.44*mass 47
Se	11.455*mass 82
Fe	47.17*mass 57

Report Date/Time: Wednesday, October 03, 2018 12:36:05

Page 2

Sample ID: N-Berrocal(3ml)

TotalQuant - Summary Report.MpazMartinRedondo

Sample ID: P1copaExt(4ml)

Sample Date/Time: Monday, March 05, 2018 16:21:32

Sample Description:

Solution Type: Sample

Sample File: C:\Users\Public\Documents\PerkinElmer Syngistix\CPMS\Sample\New folder\AguaSalmueraAtacamaRTJose.TQ(5.3.18).sam

Method File: C:\Users\Public\Documents\PerkinElmer Syngistix\CPMS\Method\INTA\TotalQuant.MP.mth

Dataset File: C:\Users\Public\Documents\PerkinElmer Syngistix\CPMS\DataSet\DanielTQ2018\P1copaExt(4ml).035

Response File: C:\Users\Public\Documents\PerkinElmer Syngistix\CPMS\System\totalquant---.rsp

Initial Sample Quantity (mg): 349.700

Sample Prep Volume (mL): 100.00

Aliquot Volume (mL): 4.00

Diluted to Volume (mL): 10.00

TotalQuant External Standards

Torch Z Position (mm): 0.00

TotalQuant Internal Standards

Analyte	Blank Intensity	Intensity
Rh	930093.000	843391

Report Concentration Unit: ppb

Analyte Intensities

Analyte	Concentration	Intensity	Intensity Comment
H			Not Measured
He			Not Measured
Li	77374.547	111065	
Be	1458.127	741	
B	138558.315	41453	
C	0.000	0	
N	0.000	0	
O			Not Measured
F		0	
Ne		0	
Na	9197899.973	31745650	
Mg	49325.858	74956	
Al	10759530.900	7743893	
Si	130168452.331	147375966	
P	84324.896	25844	
S	729633.977	294464	
Cl	0.000	0	
Ar	85770703800.445	10350166	
K	6816136.537	17875682	
Ca	165530.165	594885	
Sc	2475.798	13233	
Ti	3114419.670	24319899	
V	87743.166	927918	
Cr	66594.185	1064689	
Mn	292577.007	2573249	
Fe	58476838.641	876751069	
Co	8925.079	244566	
Ni	32245.642	792071	
Cu	47207.207	1348649	
Zn	95243.884	726995	
Ga	15732.375	154878	
Ge	3167.353	19875	
As	185996.908	238130	

Report Date/Time: Tuesday, March 06, 2018 11:20:13

Page 1

Sample ID: P1copaExt(4ml)

Se	986.485	1007
Br	0.000	0
Kr	0.000	0
Rb	3482.307	44844
Sr	10435.186	151141
Y	61.786	1422
Zr	235734.558	6209804
Nb	15942.154	540318
Mo	1488.948	63682
Ru	0.417	23
Rh	0.000	0
Pd	1.141	58
Ag	485.897	24617
Cd	31.613	904
In	142.340	5351
Sn	4933.128	170456
Sb	10986.849	141498
Te	29.344	187
I	0.000	0
Xe	0.000	0
Cs	1367.633	57681
Ba	126986.168	6499513
La	24.269	1759
Ce	109.928	9617
Pr	13.045	1086
Nd	19.601	1651
Sm	12.314	1060
Eu	10.159	986
Gd	13.025	1686
Tb	7.729	984
Dy	18.135	2281
Ho	8.863	1261
Er	16.087	2135
Tm	7.770	1160
Yb	25.517	3960
Lu	8.218	983
Hf	6080.935	660298
Ta	1699.042	163275
W	4680.658	395481
Re	1.768	162
Os	0.000	0
Ir	0.072	6
Pt	18.428	1003
Au	0.000	0
Hg	88.943	1980
Tl	984.218	125694
Pb	213361.800	26261523
Bi	2020.430	191306
Th	111.323	14153
U	3567.867	120665

TotalQuant Equations

Analyte Equation

Ca 740.74*mass 43

Ti 13.44*mass 47

Se 11.455*mass 82

Fe 47.17*mass 57

Report Date/Time: Tuesday, March 06, 2018 11:20:13

Page 2

Sample ID: P1copaExt(4ml)

TotalQuant - Summary Report.MpazMartinRedondo

Sample ID: P1int(4ml)

Sample Date/Time: Thursday, March 15, 2018 13:08:41

Sample Description:

Solution Type: Sample

Sample File: C:\Users\Public\Documents\PerkinElmer Syngistix\ICPMS\Sample\New folder\Plantas(febrero(14.3.18)yCombustibles).TQ.sam

Method File: C:\Users\Public\Documents\PerkinElmer Syngistix\ICPMS\Method\INTA\TotalQuant.MP.mth

Dataset File: C:\Users\Public\Documents\PerkinElmer Syngistix\ICPMS\DataSet\DanielTQ2018\P1int(4ml).048

Response File: C:\Users\Public\Documents\PerkinElmer Syngistix\ICPMS\System\totalquant---.rsp

Initial Sample Quantity (mg): 348.200

Sample Prep Volume (mL): 100.00

Aliquot Volume (mL): 4.00

Diluted to Volume (mL): 10.00

TotalQuant External Standards

Torch Z Position (mm): 0.00

TotalQuant Internal Standards

Analyte	Blank Intensity	Intensity
Rh	1428058.000	1191098

Report Concentration Unit: ppb

Analyte Intensities

Analyte	Concentration	Intensity	Intensity Comment
H			Not Measured
He			Not Measured
Li	76826.738	142072	
Be	1329.887	704	
B	92900.459	27890	
C	0.000	0	
N	33188823.294	42352	
O			Not Measured
F		0	
Ne		0	
Na	1710703.339	22752924	
Mg	315872.578	377938	
Al	3943267.049	5362659	
Si	63195007.707	113715476	
P	34825.163	15178	
S	0.000	0	
Cl	4726757.218	224977	
Ar	135781475113.381	17549087	
K	6449362.416	16561256	
Ca	16838.258	44812	
Sc	2510.684	10290	
Ti	3409496.272	20011451	
V	90565.699	779894	
Cr	71045.333	950530	
Mn	174746.807	1401584	
Fe	50632357.707	682715911	
Co	9758.558	239796	
Ni	34440.695	737496	
Cu	23960.463	629762	
Zn	100955.907	725016	
Ga	16105.162	148173	
Ge	3391.932	19769	
As	75066.283	86833	

Report Date/Time: Monday, March 19, 2018 11:23:39

Page 1

Sample ID: P1int(4ml)

Se	485.853	514
Br	602.249	236
Kr	0.000	0
Rb	4839.821	70964
Sr	3615.440	59725
Y	108.041	2795
Zr	5.848	6094427
Nb	0.548	534705
Mo	462.654	21806
Ru	0.000	0
Rh	0.000	0
Pd	209.768	10250
Ag	241.212	11309
Cd	15.872	570
In	64.026	2965
Sn	2916.731	122517
Sb	1835.610	28352
Te	49.956	372
I	218.965	655
Xe	0.000	0
Cs	377.280	20554
Ba	86392.555	4937560
La	177.109	12556
Ce	1186.447	107742
Pr	99.258	8937
Nd	103.956	9512
Sm	60.573	6289
Eu	53.283	5469
Gd	54.897	7071
Tb	37.976	4948
Dy	39.188	5115
Ho	29.427	4064
Er	32.278	4342
Tm	29.220	4286
Yb	36.627	5441
Lu	31.985	3608
Hf	5864.687	590590
Ta	1746.064	152930
W	2786.345	210834
Re	3.714	299
Os	0.000	0
Ir	0.000	0
Pt	15.238	691
Au	0.000	0
Hg	31.443	562
Tl	437.861	44025
Pb	8966.648	883611
Bi	263.419	21322
Th	305.522	35769
U	676.413	35057

TotalQuant Equations

Analyte Equation

Ca 740.74*mass 43
Ti 13.44*mass 47
Se 11.455*mass 82
Fe 47.17*mass 57

Report Date/Time: Monday, March 19, 2018 11:23:39

Page 2

Sample ID: P1int(4ml)

TotalQuant - Summary Report.MpazMartinRedondo

Sample ID: P1mezcla(4ml)

Sample Date/Time: Monday, March 05, 2018 16:26:08

Sample Description:

Solution Type: Sample

Sample File: C:\Users\Public\Documents\PerkinElmer Syngistix\CPMS\Sample\New folder\AguaSalmueraAtacamaRTJose.TQ(5.3.18).sam

Method File: C:\Users\Public\Documents\PerkinElmer Syngistix\CPMS\Method\INTA\TotalQuant.MP.mth

Dataset File: C:\Users\Public\Documents\PerkinElmer Syngistix\CPMS\DataSet\DanielTQ2018\P1mezcla(4ml).036

Response File: C:\Users\Public\Documents\PerkinElmer Syngistix\CPMS\System\totalquant---.rsp

Initial Sample Quantity (mg): 330.900

Sample Prep Volume (mL): 100.00

Aliquot Volume (mL): 4.00

Diluted to Volume (mL): 10.00

TotalQuant External Standards

Torch Z Position (mm): 0.00

TotalQuant Internal Standards

Analyte	Blank Intensity	Intensity
Rh	930093.000	793830

Report Concentration Unit: ppb

Analyte Intensities

Analyte	Concentration	Intensity	Intensity Comment
H			Not Measured
He			Not Measured
Li	73065.785	99242	
Be	1387.146	667	
B	223134.449	63167	
C	0.000	0	
N	0.000	0	
O			Not Measured
F		0	
Ne		0	
Na	6191834.865	20221625	
Mg	1327801.544	1909246	
Al	18404677.841	12534163	
Si	130903988.887	140240980	
P	76404.101	22157	
S	192990.727	73700	
Cl	0.000	0	
Ar	1007235541736.976	115011295	
K	10175957.963	25252291	
Ca	57191.838	194488	
Sc	4162.859	21054	
Ti	3031453.770	22399417	
V	82461.752	825182	
Cr	72504.277	1096860	
Mn	278523.329	2317951	
Fe	57224521.655	811849868	
Co	8866.882	229909	
Ni	27368.382	636126	
Cu	32526.910	879295	
Zn	93143.160	672739	
Ga	16716.533	155719	
Ge	3125.766	18559	
As	123393.564	149486	

Report Date/Time: Tuesday, March 06, 2018 11:20:14

Page 1

Sample ID: P1mezcla(4ml)

Se	277.858	269
Br	0.000	0
Kr	0.000	0
Rb	13953.142	170023
Sr	4564.054	62551
Y	74.792	1628
Zr	218918.715	5456808
Nb	15516.617	497623
Mo	745.576	30174
Ru	0.000	0
Rh	0.000	0
Pd	0.915	44
Ag	149.441	7165
Cd	22.135	599
In	96.032	3416
Sn	3993.377	130567
Sb	5522.451	67299
Te	47.535	286
I	0.000	0
Xe	0.000	0
Cs	310.637	12397
Ba	65106.634	3153195
La	79.307	5437
Ce	2326.296	192565
Pr	23.156	1824
Nd	87.246	6950
Sm	24.041	1958
Eu	6.437	591
Gd	22.376	2741
Tb	3.105	374
Dy	19.751	2351
Ho	3.257	439
Er	11.310	1420
Tm	1.827	258
Yb	16.864	2477
Lu	2.699	306
Hf	5793.653	595283
Ta	1733.347	157616
W	2970.347	237480
Re	3.675	318
Os	0.000	0
Ir	0.096	8
Pt	16.002	824
Au	0.000	0
Hg	12.762	269
Tl	620.271	74956
Pb	72755.216	8473611
Bi	927.607	83110
Th	386.729	46523
U	6423.221	205554

TotalQuant Equations

Analyte Equation

Ca 740.74*mass 43

Ti 13.44*mass 47

Se 11.455*mass 82

Fe 47.17*mass 57

Report Date/Time: Tuesday, March 06, 2018 11:20:14

Page 2

Sample ID: P1mezcla(4ml)